

# BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND



## Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

**Aktenzeichen:** 103 44 057.7

**Anmeldetag:** 23. September 2003

**Anmelder/Inhaber:** VERMICON AG,  
80992 München/DE

**Bezeichnung:** Verfahren zum spezifischen Schnellnachweis  
getränkeschädlicher Mikroorganismen

**IPC:** C 12 Q 1/68

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 28. Oktober 2004  
**Deutsches Patent- und Markenamt**  
**Der Präsident**  
Im Auftrag

A large, stylized handwritten signature in black ink, likely belonging to the President of the German Patent and Trade Mark Office.

BEST AVAILABLE COPY

Schäfer

München · Hamburg · Düsseldorf  
New York

Patentanwälte  
Dr. Walter Maiwald (München)  
Dr. Volker Hamm (Hamburg)  
Dr. Stefan Michalski (Düsseldorf)  
Dr. Regina Neuefeind (München)  
Dipl.-Ing. Udo Preuss (München)  
Dipl.-Ing. Korbinian Kopf, M.A.  
(München)  
Dr. Norbert Hansen (München)  
Dipl.-Ing. Lutz Kietzmann U.M. (Düsseldorf)  
Dr. Martin Huenges (München)  
Dr. Holger Glas (München)

Rechtsanwalt  
Stephan N. Schneller (München)

In Kooperation mit:  
Maiwald Inc.,  
European IP Services, New York  
Dipl.-Ing. Korbinian Kopf, M.A.  
U.S. Patent Agent

Aktenzeichen  
Neuanmeldung  
VERMICON AG

Unser Zeichen  
V 7505 / RN

München,  
23. September 2003

---

VERMICON AG  
Emmy-Noether-Straße 2  
80992 München

---

Verfahren zum spezifischen Schnellnachweis getränkeschädlicher Mikroorganismen

---

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum spezifischen Schnellnachweis getränkeschädlicher Mikroorganismen durch in situ-Hybridisierung. Weiter betrifft die Erfindung spezifische Oligonukleotidsonden, die im Rahmen des Nachweisverfahrens eingesetzt werden sowie Kits, die diese Oligonukleotidsonden enthalten.

RN:LA:uh

Unter dem Oberbegriff „Alkoholfreie Getränke“ (AfG) werden Getränkegruppen wie Fruchtsäfte, Fruchtnektare, Fruchtkonzentrate, Fruchtputees, Erfrischungsgetränke und Wässer zusammengefasst.

Generell können alkoholfreie Getränke aufgrund ihrer sehr vielseitigen Zusammensetzung aus Nähr- und Wachsstoffen als potenziell gefährdet durch das Wachstum eines breiten Spektrums von Mikroorganismen eingestuft werden.

Nach heutigem Kenntnisstand werden hauptsächlich Hefen, Schimmelpilze, Milchsäurebakterien, Essigsäurebakterien, Bazillen und Alicyclobazillen im AfG-Bereich vorgefunden und somit als "getränkeschädliche Mikroorganismen" beschrieben. Die Kontaminationen mit diesen Mikroorganismen führen in der Regel nicht zu gesundheitlichen Schäden des Konsumenten, sie gehen aber meist mit Trübungen, Geschmacks- und Geruchsveränderungen des Endprodukts einher und führen durch einen daraus resultierenden Imageverlust zu hohen wirtschaftlichen Einbußen für die produzierende Industrie.

In Fruchtsäften und Fruchtnektaren können sich aufgrund der meist natürlicherweise hohen Konzentration an Fruchtsäuren und einem damit verbundenen niedrigen pH-Wert (pH-Bereich 2,5 bis 4,5) i.d.R. nur acidophile oder acidotolerante Mikroorganismen (z.B. Milchsäurebakterien, Alicyclobazillen, säuretolerante Hefe- und Schimmelpilzarten) vermehren und somit zu einer Schädigung dieser Getränke führen.

Eine Maßnahme zur Einschränkung des Verderbs durch Mikroorganismen stellt die Carbonisierung von Getränken dar. Dieses Verfahren wird sehr häufig bei der Herstellung von Erfrischungsgetränken eingesetzt. Durch die Zugabe von CO<sub>2</sub> wird im Produkt ein nahezu anaerobes Milieu geschaffen und nur mikroaerophile, fakultativ anaerobe und

anaerobe Mikroorganismen (z.B. Milchsäurebakterien, Essigsäurebakterien und Hefen) sind in der Lage, dieses Milieu zu tolerieren.

Stille Getränke werden in den meisten Fällen einem Pasteurisierungsprozess unterzogen, um eine lange Stabilität und Qualität dieser Produkte zu gewährleisten. Durch die Pasteurisierung sollen möglichst umfassend alle vegetativen Mikroorganismen abgetötet werden. Allerdings findet dadurch keine Eliminierung der durch Bazillen und Alicyclobazillen gebildeten Sporen statt. Zudem sind auch einige Schimmelpilzarten in der Lage, diesen Prozess ohne Schaden zu überstehen und nachfolgend Produktschäden hervorzurufen.

Ein entscheidender Faktor in der Gewährleistung der biologischen Qualität von Getränken ist die Fahndung nach der Ursache der Kontamination, um diese endgültig zu beseitigen.

Im Allgemeinen werden dabei zwei Kontaminationswege unterschieden: Als Primärkontamination werden Kontaminationen bezeichnet, bei denen Mikroorganismen durch die Rohstoffe oder durch Verunreinigungen im Prozess in das Produkt eingetragen werden. Sekundärkontaminationen sind Kontaminationen, die nach der eigentlichen Produktion des Getränks im Abfüllbereich auftreten.

Die Herausforderung, die sich durch diese verschiedenen Faktoren an die mikrobiologische Qualitätskontrolle stellt, besteht darin, umfassend und schnell alle im Produkt vorhandenen Keime zu identifizieren, um möglichst rasch entsprechende Gegenmaßnahmen einleiten zu können.

Bislang erfolgt der konventionelle Nachweis von AfG-Schädlingen durch mehrtägige Anreicherung der Untersuchungsprobe in einem Selektivmedium und anschließende Lichtmikroskopie. Zudem müssen zur genauen Bestimmung des AfG-Verderbers weitere physiologische Tests (wie Gram-Färbung, Zuckerverwertungsreihen) durchgeführt werden.

Die Nachteile dieser ausschließlich kultivierungsabhängigen Methode liegen in der langen Analysedauer, welche erhebliche logistische Kosten in den Getränkeproduzierenden Betrieben verursacht. Darüber hinaus droht nach der Auslieferung von Produkten, deren mikrobiologischer Befund noch nicht einwandfrei feststand ein beträchtlicher Imageverlust für das betreffende Unternehmen, wenn im Fall von Kontaminationen Rückholaktionen von verdorbenen Produktchargen nötig werden.

Im Folgenden werden die getränkeschädlichen Mikroorganismen und deren Nachweis, wie er im Stand der Technik erfolgt, im Detail beschrieben.

#### Hefen und Schimmelpilze:

Zu denjenigen Mikroorganismen, die eine Hitzebehandlung überleben und anschließend Probleme in den Getränken verursachen können, zählen vor allem die Schimmelpilze *Byssoschlamys fulva* und *B. nivea*, *Neosartorya fischeri* und *Talaromyces flavus* sowie einige Hefen. In carbonisierten Getränken sind die säuretoleranten, fermentativen Vertreter der Hefen (*Saccharomyces spp.*, *Dekkera spp.* und *Zygosaccharomyces bailii*) vorherrschend. Neben der Beeinträchtigung der Produkte durch Geschmacksveränderungen und Trübung geht von diesen „gärfähigen Hefen“ eine potenzielle Gefahr durch fallweise Explosion („Bombagen“) der Abfüllbehälter aus.

Der Nachweis von Hefen und Schimmelpilzen im AfG-Bereich erfolgt derzeit über die Kultivierung auf entsprechenden Nährmedien (z.B. SSL-Bouillon, OFS-Medium, Malzextrakt-Medium, Würze-Agar) und dauert zwischen 2 und 7 Tagen. Ein Nachweis auf Gattungs- oder gar Artebene ist sehr zeitaufwendig und wird in der Regel nicht durchgeführt.

#### Milchsäurebakterien:

Die Vertreter der Milchsäurebakterien sind gram-positive, nicht sporenbildende, Katalase-negative Stäbchen oder Kokken, die sich durch einen sehr hohen Nährstoffanspruch (vor

allein an Vitaminen, Aminosäuren, Purinen und Pyrimidinen) auszeichnen. Wie der Name schon andeutet, sind alle Milchsäurebakterien in der Lage, als Gärprodukt Milchsäure herzustellen.

Aufgrund ihres anaeroben Wachstums und der für anaerobe Mikroorganismen atypische hohe Toleranz und Unempfindlichkeit gegenüber Sauerstoff werden sie als aerotolerante Anaerobier bezeichnet.

Bis dato werden u.a. die Gattungen Lactobacillus, Lactococcus, Leuconostoc, Oenococcus Carnobacterium, Bifidobacterium, Enterococcus, Pediococcus, Weissella und Streptococcus unter dem Begriff „Milchsäurebakterien“ geführt.

Milchsäurebakterien haben in der Lebensmittelindustrie eine ambivalente Rolle. Einerseits ist ihr Vorhandensein in manchen Prozessen, wie z.B. der Herstellung von Sauerkraut, erwünscht und somit nicht wegzudenken. Andererseits kann ihr Vorkommen in Bier oder Fruchtsäften zu einem Verderb dieser Produkte führen. Das Wachstum dieser Bakterien äußert sich vornehmlich durch Trübung, Säuerung, Gas- und Schleimbildung.

In der AfG-Industrie sind hauptsächlich die Bakteriengattungen Leuconostoc, Lactococcus, Lactobacillus, Oenococcus, Weissella und Pediococcus als Kontaminanten von Bedeutung. Milchsäurebakterien werden durch 5- bis 7-tägige Inkubation bei 25 °C auf MRS-Agar (pH 5,7) nachgewiesen.

#### Essigsäurebakterien:

Mit dem Trivialnamen „Essigsäurebakterien“ werden Bakterien der Gattungen Acetobacter, Gluconobacter, Gluconoacetobacter und Acidomonas bezeichnet. Bakterien dieser Gattungen sind gram-negative, obligat aerobe, Oxidase-negative Stäbchen, deren optimale Vermehrungstemperatur um 30 °C liegt. Essigsäurebakterien sind in der Lage, sich auch bei

pH-Werten um 2,2 bis 3,0 zu vermehren und können daher in Getränken mit diesem pH-Wert Produktschäden hervorrufen.

Phylogenetisch werden Bakterien dieser Gattung als Mitglieder der Alphaproteobakterien eingestuft.

Die Produktschädigungen gehen zumeist mit Trübungen und Geschmacksveränderungen durch die Bildung von Essigsäure und Gluconsäure einher.

Für den Nachweis von Essigsäurebakterien haben sich vor allem ACM-Agar (Inkubationszeit: 14 Tage) und DSM-Agar (Inkubationszeit: 3 bis 5 Tage) bewährt.

#### Bazillen:

Bazillen sind gram-positive aerobe, z.T. fakultativ anaerobe, zumeist Katalase-positive sporenbildende Stäbchen. In der AfG-Industrie wurde bis dato hauptsächlich *Bacillus coagulans* als Verderbniserreger identifiziert.

Der Nachweis erfolgt durch Ausstrich des Untersuchungsmaterials auf Dextrose-Caseinpepton-Agar oder Hefeextrakt-Pepton-Dextrose-Stärke-Agar und anschließender Inkubation bei 55 °C (Inkubationszeit: 3 Tage). Um eine Aktivierung bzw. eine Auskeimung der *B. coagulans*-Sporen zu erreichen, wird vor der eigentlichen Inkubation eine Erwärmung der Probe bei 80 °C für 10 min empfohlen.

#### Alicyclobazillen:

Alicyclobazillen sind gram-positive, aerobe, thermophile und Katalase-positive sporenbildende Stäbchen. Vertreter dieser Gattung bilden  $\omega$ -alicyclische Fettsäuren als zelluläre Hauptfettsäuren.

In der AfG-Industrie wurde bis dato weltweit hauptsächlich *Alicyclobacillus acidoterrestris* als Verderbniserreger nachgewiesen. In seltenen Fällen wurden auch *A. acidocaldarius* und *A. acidiphilus* in verdorbenen Getränken identifiziert.

Der optimale Wachstumstemperaturbereich für *Alicyclobacillus spp.* liegt zwischen 26 und 55 °C. Der pH-Bereich, in dem sich Bakterien dieser Gattung vermehren können, liegt zwischen 2,2 und 5,8.

Das Wachstum von *A. acidoterrestris* führt in Fruchtsäften zu Verderb, der sich infolge der Bildung von Guajakol und Di-Bromphenol in Geruchs- und Geschmacksveränderungen äußert. Eine Kontamination mit diesem Organismus verläuft zumeist inapparent, was bedeutet, dass nur in seltenen Fällen eine Trübung in den infizierten Getränken auftritt. Alicyclobazillen können über mehrtägige Kultivierung bei 44 bis 46 °C auf Orangenserum-Agar, Kartoffel-Dextrose-Agar, K-Agar, YSG-Agar oder BAM-Agar nachgewiesen werden. Zudem ist zur sicheren Bestätigung des Befundes eine Reihe physiologischer Tests notwendig. Um eine Aktivierung bzw. eine Auskeimung der *Alicyclobacillus spp.*-Sporen zu erreichen, wird vor der eigentlichen Inkubation eine Erwärmung der Probe bei 80 °C für 10 min empfohlen.

Die bisher in der Routineanalytik eingesetzten Nachweisverfahren für getränkeschädliche Mikroorganismen sind sehr langwierig und teilweise zu ungenau und verhindern somit schnelle und wirkungsvolle Gegenmaßnahmen zum Erhalt des kontaminierten Produktes. Die Ungenauigkeit resultiert beim Nachweis aus einer fehlenden Differenzierung bis auf Gattungs- und/oder Artebene.

Als logische Konsequenz aus den Schwierigkeiten, welche bei traditionellen Kultivierungsverfahren beim Nachweis von getränkeschädlichen Mikroorganismen auftreten,



bieten sich daher Nachweisverfahren auf Nukleinsäurebasis zur schnellen, sicheren und spezifischen Identifizierung von Verderbniserregern in alkoholfreien Getränken an.

Bei der PCR, der Polymerase-Kettenreaktion, wird mit spezifischen Primern ein charakteristisches Stück des jeweiligen Mikroorganismengenoms amplifiziert. Findet der Primer seine Zielstelle, so kommt es zu einer millionenfachen Vermehrung eines Stücks der Erbsubstanz.

Bei der anschließenden Analyse, z.B. mittels eines DNA-Fragmente auftrennenden Agarose-Gels, kann eine qualitative Bewertung stattfinden. Im einfachsten Fall führt dies zu der Aussage, dass die Zielstellen für die verwendeten Primer in der untersuchten Probe vorhanden waren. Weitere Aussagen sind nicht möglich; diese Zielstellen können sowohl von einem lebenden Bakterium, als auch von einem toten Bakterium oder von nackter DNA stammen. Da die PCR-Reaktion auch bei Anwesenheit eines toten Bakteriums oder nackter DNA positiv ausfällt, kommt es hier häufig zu falsch positiven Ergebnissen. Eine Weiterführung dieser Technik stellt die quantitative PCR dar, bei der versucht wird, eine Korrelation zwischen der Menge an vorhandenen Mikroorganismen und der Menge an amplifizierter DNA herzustellen. Vorteile der PCR liegen in ihrer hohen Spezifität, leichten Anwendbarkeit und im geringen Zeitaufwand. Wesentliche Nachteile sind ihre hohe Anfälligkeit für Kontaminationen und damit falsch positive Ergebnisse sowie die bereits erwähnte fehlende Möglichkeit, zwischen lebenden und toten Zellen bzw. nackter DNA zu unterscheiden.

Einen einzigartigen Ansatz, die Spezifität der molekularbiologischen Methoden wie der PCR mit der Möglichkeit der Mikroorganismenvisualisierung, wie sie die Antikörper-Methoden ermöglichen, zu verbinden, bietet die Methode der Fluoreszenz-In-Situ-Hybridisierung (FISH; Amann, R. I., W. Ludwig und K.-H. Schleifer, 1995. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. Microbial. Rev. 59, S. 143-169). Hierbei können Mikroorganismenarten, -gattungen oder -gruppen hochspezifisch identifiziert und visualisiert werden.

Die FISH-Technik basiert auf der Tatsache, dass es in Mikroorganismenzellen bestimmte Moleküle gibt, die aufgrund ihrer lebenswichtigen Funktion im Laufe der Evolution nur wenig mutiert sind: Die 16S, 18S, 23S und 26S ribosomale Ribonukleinsäure (rRNA). Sie sind Bestandteile der Ribosomen, den Orten der Proteinbiosynthese, und können aufgrund ihrer ubiquitären Verbreitung, ihrer Größe, und ihrer strukturellen und funktionellen Konstanz als spezifische Marker dienen (Woese, C. R., 1987. Bacterial evolution. Microbiol. Rev. 51, S. 221-271). Ausgehend von einer vergleichenden Sequenzanalyse können phylogenetische Beziehungen allein aufgrund dieser Daten aufgestellt werden. Dazu müssen diese Sequenzdaten in ein Alignment gebracht werden. Im Alignment, welches sich auf Kenntnisse über die Sekundärstruktur und Tertiärstruktur dieser Makromoleküle stützt, werden die homologen Positionen der ribosomalen Nukleinsäuren in Einklang miteinander gebracht.

Ausgehend von diesen Daten können phylogenetische Berechnungen durchgeführt werden. Der Einsatz modernster Computertechnologie macht es möglich, auch großangelegte Berechnungen schnell und effektiv auszuführen, sowie große Datenbanken, welche die Alignment-Sequenzen der 16S, 18S, 23S und 26S rRNA beinhalten, anzulegen. Durch den schnellen Zugriff auf dieses Datenmaterial können neu erhaltene Sequenzen in kurzer Zeit phylogenetisch analysiert werden. Diese rRNA Datenbanken können dazu verwendet werden, art- und gattungsspezifische Gensonden zu konstruieren. Hierbei werden alle verfügbaren rRNA Sequenzen miteinander verglichen und für bestimmte Sequenzstellen Sonden entworfen, die spezifisch eine Mikroorganismenart, -gattung oder -gruppe erfassen.

Bei der FISH (Fluoreszenz-In-Situ-Hybridisierung)-Technik werden diese Gensonden, die zu einer bestimmten Region auf der ribosomalen Zielsequenz komplementär sind, in die Zelle eingeschleust. Die Gensonden sind i.d.R. kleine, 16 bis 20 Basen lange, einzelsträngige Desoxyribonukleinsäurestücke und richten sich gegen eine Zielregion, welche typisch für eine Mikroorganismenart oder eine Mikroorganismengruppe ist. Findet die fluoreszenzmarkierte

Gensonde in einer Mikroorganismenzelle ihre Zielsequenz, so bindet sie daran und die Zellen können aufgrund ihrer Fluoreszenz mit Hilfe eines Fluoreszenzmikroskops detektiert werden.

Die FISH-Analyse wird grundsätzlich auf einem Objektträger durchgeführt, da die Mikroorganismen bei der Auswertung durch Bestrahlung mit einem hochenergetischen Licht visualisiert, also sichtbar gemacht werden. Hierin liegt allerdings einer der Nachteile der klassischen FISH-Analyse: da auf einem Objektträger naturgemäß nur relativ kleine Volumina analysiert werden können, ist die Sensitivität der Methode unbefriedigend und für eine verlässliche Analyse nicht ausreichend.

Mit der vorliegenden Erfindung werden daher die Vorteile der klassischen FISH-Analyse mit denen der Kultivierung verknüpft. Durch einen vergleichsweise kurzen Kultivierungsschritt wird sichergestellt, dass die nachzuweisenden Mikroorganismen in ausreichender Zahl vorliegen, bevor der Nachweis der Mikroorganismen mittels spezifischer FISH durchgeführt wird.

Die Durchführung der in der vorliegenden Anmeldung beschriebenen Verfahren zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Hefen der Gattungen *Zygosaccharomyces*, *Hanseniaspora*, *Candida*, *Saccharomyces* und *Saccharomycodes*, insbesondere der Spezies *Zygosaccharomyces bailii*, *Z. mellis*, *Z. rouxii*, *Z. bisporus*, *Hanseniaspora uvarum*, *Candida intermedia*, *Saccharomyces exiguus*, *Saccharomycodes ludwigii* oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Schimmelpilzen der Gattungen *Mucor*, *Byssoschlamys*, *Neosartorya*, *Aspergillus* und *Talaromyces*, insbesondere der Spezies *Mucor racemosus*, *Byssoschlamys nivea*, *Neosartorya fischeri*, *Aspergillus fumigatus* und *A. fischeri*, *Talaromyces flavus*, *T. bacillisporus* und *T. flavus* oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Bakterien der Gattungen *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Weissella*, *Lactococcus*, *Acetobacter*, *Gluconobacter*, *Gluconoacetobacter*, *Bacillus* und *Alicyclobacillus*, insbesondere der Spezies *Lactobacillus collinoides*, *Leuconostoc*

*mesenteroides*, *L. pseudomesenteroides*, *Oenococcus oenos*, *Bacillus coagulans*, *Alicyclobacillus ssp.*, *A. acidoterrestris*, *A. cycloheptanicus* und *A. herbarius* umfasst somit die folgenden Schritte:

- Kultivieren der in der untersuchten Probe enthaltenen getränkeschädlichen Mikroorganismen
- Fixieren der in der Probe enthaltenen getränkeschädlichen Mikroorganismen
- Inkubieren der fixierten Mikroorganismen mit mindestens einer Oligonukleotidsonde, ggf. zusammen mit einer Kompetitorsonde, um eine Hybridisierung herbeizuführen,
- Entfernen bzw. Abwaschen der nicht hybridisierten Oligonukleotidsonden und
- Detektieren der mit den Oligonukleotidsonden hybridisierten getränkeschädlichen Mikroorganismen.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wird unter „Kultivieren“ die Vermehrung der in der Probe enthaltenen Mikroorganismen in einem geeigneten Kultivierungsmedium verstanden. Zum Nachweis von Hefen und Schimmelpilzen kann die Kultivierung z.B. in SSL-Bouillon für 24 h bei 25 °C erfolgen. Zum Nachweis von Milchsäurebakterien kann die Kultivierung z.B. in MRS-Bouillon für 48 h bei 30 °C erfolgen. Zum Nachweis von Essigsäurebakterien kann die Kultivierung z.B. auf DSM-Agar für 48 h bei 28 °C erfolgen. Zum Nachweis von Bazillen, vornehmlich *B. coagulans*, kann die Kultivierung z.B. auf Dextrose-Caseinpepton-Agar für 48 h bei 55 °C erfolgen.

Zum Nachweis von Alicyclobazillen kann die Kultivierung z.B. in BAM-Bouillon für 48 h bei 44 °C erfolgen.

Der Fachmann kann die geeigneten Kultivierungsverfahren für jeden zu untersuchenden Mikroorganismus bzw. jede Mikroorganismengruppe dem Stand der Technik entnehmen.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wird unter „Fixieren“ der Mikroorganismen eine Behandlung verstanden, mit der die Hülle der Mikroorganismen für Nukleinsäuresonden durchlässig gemacht wird. Zur Fixierung wird üblicherweise Ethanol verwendet. Kann die

Zellwand trotz dieser Behandlung nicht von den Nukleinsäuresonden penetriert werden, so sind dem Fachmann ausreichend weitere Maßnahmen bekannt, die zu demselben Ergebnis führen. Dazu zählen beispielsweise der Einsatz von Methanol, Mischungen von Alkoholen, einer niederprozentigen Paraformaldehydlösung oder einer verdünnten Formaldehydlösung, enzymatische Behandlungen oder ähnliches. Es kann sich in einer besonders bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens ein enzymatischer Schritt zum vollständigen Aufschluss der Mikroorganismen anschließen. Als Enzyme sind hier bspw. Lysozym, Proteinase K und Mutanolysin zu nennen. Dem Fachmann sind hier genügend geeignete Verfahren bekannt, und er wird auf einfache Weise feststellen können, welches Mittel für den Zellaufschluss eines bestimmten Mikroorganismus besonders geeignet ist.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung werden für die „Hybridisierung“ die fixierten Mikroorganismen mit fluoreszenzmarkierten Oligonukleotidsonden inkubiert. Diese Oligonukleotidsonden können nach dem Fixieren die Zellhülle penetrieren und an die der Oligonukleotidsonde entsprechende Zielsequenz im Zellinneren binden. Die Bindung ist als Ausbildung von Wasserstoffbrücken zwischen komplementären Nukleinsäurestücken zu verstehen.

Die Oligonukleotidsonde kann dabei komplementär zu einer chromosomalen oder episomalen DNA sein, aber auch zu einer mRNA oder rRNA des nachzuweisenden Mikroorganismus. Von Vorteil ist es, eine Oligonukleotidsonde zu wählen, die zu einem Bereich komplementär ist, der in einer Kopienzahl von mehr als 1 im nachzuweisenden Mikroorganismus vorhanden ist. Die nachzuweisende Sequenz liegt bevorzugt 500 bis 100.000 mal pro Zelle vor, besonders bevorzugt 1.000 bis 50.000 mal. Aus diesem Grunde wird bevorzugt eine Sequenz aus der rRNA als Zielsequenz verwendet, da die Ribosomen in der Zelle als Orte der Proteinbiosynthese viele tausendmal in jeder aktiven Zelle vorliegen.

Bei der Nukleinsäuresonde im Sinne der Erfindung kann es sich um eine DNA- oder RNA-Sonde handeln, die in der Regel zwischen 12 und 100 Nukleotide umfassen wird, bevorzugt zwischen 15 und 50, besonders bevorzugt zwischen 17 und 25 Nukleotide. Die Auswahl der Nukleinsäuresonden geschieht unter dem Gesichtspunkt, ob eine komplementäre Sequenz in dem nachzuweisenden Mikroorganismus vorliegt. Durch diese Auswahl einer definierten Sequenz kann eine Mikroorganismenart, eine Mikroorganismengattung oder eine ganze Mikroorganismengruppe erfasst werden. Komplementarität sollte bei einer Sonde von 15 Nukleotiden über 100 % der Sequenz gegeben sein. Bei Oligonukleotiden mit mehr als 15 Nukleotiden sind je nach Länge ein bis mehrere Fehlpaarungsstellen erlaubt.

Zur Erhöhung der Spezifität von Nukleinsäuresonden können Kompetitorsonden eingesetzt werden. Unter dem Begriff "Kompetitorsonden" werden im Rahmen der vorliegenden Erfindung insbesondere Oligonukleotide verstanden, die eventuell auftretende ungewollte Bindungen der Nukleinsäuresonden abdecken und dabei eine höhere Sequenzähnlichkeit zu nicht nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies aufweisen als zu den nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies. Durch den Einsatz von Kompetitorsonden kann verhindert werden, dass die Nukleinsäuresonde an die Nukleinsäuresequenz der nicht nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies bindet und zu falschen Signalen führt. Die unmarkierte Kompetitorsonde wird immer zusammen mit der entsprechenden markierten Oligonukleotidsonde eingesetzt.

Die Kompetitorsonde sollte komplementär sein zu einer Nukleinsäuresequenz mit hoher Sequenzähnlichkeit zur Nukleinsäuresequenz der nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies. Besonders bevorzugt ist die Kompetitorsonde komplementär zur rRNA von nicht nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies.

Bei der Kompetitorsonde kann es sich im Sinne der Erfindung um eine DNA- oder RNA-Sequenz handeln, die in der Regel zwischen 12 und 100 Nukleotide umfassen wird, bevorzugt

zwischen 15 und 50, besonders bevorzugt zwischen 17 und 25 Nukleotide. Durch die Auswahl einer definierten Sequenz kann die Hybridisierung der markierten Oligonukleotidsonde an die Nukleinsäuresequenz einer Bakterienart, einer Bakteriengattung oder einer ganzen Bakteriengruppe abgeblockt werden. Komplementarität zu der abzublockenden Nukleinsäuresequenz sollte bei einer Sonde von 15 Nukleotiden über 100 % der Sequenz gegeben sein. Bei Oligonukleotiden mit mehr als 15 Nukleotiden sind je nach Länge ein bis mehrere Fehlpaarungsstellen erlaubt.

Im Rahmen der erfindungsgemäßen Verfahren haben die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresondenmoleküle die nachstehend angegebenen Längen und Sequenzen (alle Nukleinsäuresondenmoleküle sind in 5'-3'-Richtung notiert).

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresondenmoleküle sind zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Hefen der Gattungen *Zygosaccharomyces*, *Hanseniaspora*, *Candida*, *Saccharomyces* und *Saccharomycodes*, insbesondere der Spezies *Zygosaccharomyces bailii*, *Z. mellis*, *Z. rouxii*, *Z. bisporus*, *Hanseniaspora uvarum*, *Candida intermedia*, *Saccharomyces exiguus*, *Saccharomycodes ludwigii* oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Schimmelpilzen der Gattungen *Mucor*, *Byssochlamys*, *Neosartorya*, *Aspergillus* und *Talaromyces*, insbesondere der Spezies *Mucor racemosus*, *Byssochlamys nivea*, *Neosartorya fischeri*, *Aspergillus fumigatus* und *A. fischeri*, *Talaromyces flavus*, *T. bacillisporus* und *T. flavus* oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Bakterien der Gattungen *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Weissella*, *Lactococcus*, *Acetobacter*, *Gluconobacter*, *Gluconoacetobacter*, *Bacillus* und *Alicyclobacillus*, insbesondere der Spezies *Lactobacillus collinoides*, *Leuconostoc mesenteroides*, *L. pseudomesenteroides*, *Oenococcus oenos*, *Bacillus coagulans*, *Alicyclobacillus ssp.*, *A. acidoterrestris*, *A. cycloheptanicus* und *A. herbarius* geeignet und werden dementsprechend in dem erfindungsgemäßen Nachweisverfahren eingesetzt.

a) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Hefen nachweisen:

SEQ ID No. 1:	5'- CCCGGTCGAATTAAAACC
SEQ ID No. 2:	5'- GCCCGGTCGAATTAAAAC
SEQ ID No. 3:	5'- GGCCCGGTCGAATTAAAA
SEQ ID No. 4:	5'- AGGCCCGGTCGAATTAAA
SEQ ID No. 5:	5'- AAGGCCCGGTCGAATTAA
SEQ ID No. 6:	5'- ATATTGAGCGAAACGCC
SEQ ID No. 7:	5'- AAAGATCCGGACCGGCCG
SEQ ID No. 8:	5'- GGAAAGATCCGGACCGGC
SEQ ID No. 9:	5'- GAAAGATCCGGACCGGCC
SEQ ID No. 10:	5'- GATCCGGACCGGCCGACC
SEQ ID No. 11:	5'- AGATCCGGACCGGCCGAC
SEQ ID No. 12:	5'- AAGATCCGGACCGGCCGA
SEQ ID No. 13:	5'- GAAAGGCCCGGTCGAATT
SEQ ID No. 14:	5'- AAAGGCCCGGTCGAATTA
SEQ ID No. 15:	5'- GGAAAGGCCCGGTCGAAT
SEQ ID No. 16:	5'- AGGAAAGGCCCGGTCGAA
SEQ ID No. 17:	5'- AAGGAAAGGCCCGGTCGA

Die Sequenzen SEQ ID No. 1 bis SEQ ID No. 17 sind vor allem zum Nachweis von *Zygosaccharomyces bailii* geeignet.

SEQ ID No. 18:	5'- GGAAGAAAACCAGTACGC
SEQ ID No. 19:	5'- CCGGTCGGAAGAAAACCA
SEQ ID No. 20:	5'- GAAGAAAACCAGTACGCG
SEQ ID No. 21:	5'- CCCGGTCGGAAGAAAACC
SEQ ID No. 22:	5'- CGGTCGGAAGAAAACCAG



SEQ ID No. 23: 5'- GGTCGGAAGAAAACCACT  
SEQ ID No. 24: 5'- AAGAAAACCACTACGCGG  
SEQ ID No. 25: 5'- GTACGCGGAAAAATCCGG  
SEQ ID No. 26: 5'- AGTACGCGGAAAAATCCG  
SEQ ID No. 27: 5'- GCGGAAAAATCCGGACCG  
SEQ ID No. 28: 5'- CGGAAGAAAACCACTACG  
SEQ ID No. 29: 5'- GCCCGGTCGGAAGAAAAC  
SEQ ID No. 30: 5'- CGCGGAAAAATCCGGACC  
SEQ ID No. 31: 5'- CAGTACGCGGAAAAATCC  
SEQ ID No. 32: 5'- AGAAAACCACTACGCGGA  
SEQ ID No. 33: 5'- GGCCCGGTCGGAAGAAAA  
SEQ ID No. 34: 5'- ATAAACACCACCCGATCC  
SEQ ID No. 35: 5'- ACGCGGAAAAATCCGGAC  
SEQ ID No. 36: 5'- GAGAGGCCCGGTCGGAAG  
SEQ ID No. 37: 5'- AGAGGCCCGGTCGGAAGA  
SEQ ID No. 38: 5'- GAGGCCCGGTCGGAAGAA  
SEQ ID No. 39: 5'- AGGCCCGGTCGGAAGAAA  
SEQ ID No. 40: 5'- CCGAGTGGGTCAGTAAAT  
SEQ ID No. 41: 5'- CCAGTACGCGGAAAAATC  
SEQ ID No. 42: 5'- TAAACACCACCCGATCCC  
SEQ ID No. 43: 5'- GGAGAGGCCCGGTCGGAA  
SEQ ID No. 44: 5'- GAAAACCACTACGCGGAA  
SEQ ID No. 45: 5'- TACGCGGAAAAATCCGGA  
SEQ ID No. 46: 5'- GGCCACAGGGACCCAGGG  
SEQ ID No. 47: 5'- TCACCAAGGGCCACAGGG  
SEQ ID No. 48: 5'- GGGCCACAGGGACCCAGG  
SEQ ID No. 49: 5'- TTCACCAAGGGCCACAGG  
SEQ ID No. 50: 5'- ACAGGGACCCAGGGCTAG

SEQ ID No. 51: 5'- AGGGCCACAGGGACCCAG  
SEQ ID No. 52: 5'- GTTCACCAAGGGCCACAG  
SEQ ID No. 53: 5'- GCCACAGGGACCCAGGGC  
SEQ ID No. 54: 5'- CAGGGACCCAGGGCTAGC  
SEQ ID No. 55: 5'- AGGGACCCAGGGCTAGCC  
SEQ ID No. 56: 5'- ACCAAGGGCCACAGGGAC  
SEQ ID No. 57: 5'- CCACAGGGACCCAGGGCT  
SEQ ID No. 58: 5'- CACAGGGACCCAGGGCTA  
SEQ ID No. 59: 5'- CACCAAGGGCCACAGGGA  
SEQ ID No. 60: 5'- GGGACCCAGGGCTAGCCA  
SEQ ID No. 61: 5'- AGGAGAGGCCCGGTCGGA  
SEQ ID No. 62: 5'- AAGGAGAGGCCCGGTCGG  
SEQ ID No. 63: 5'- GAAGGAGAGGCCCGGTCG  
SEQ ID No. 64: 5'- AGGGCTAGCCAGAAGGAG  
SEQ ID No. 65: 5'- GGGCTAGCCAGAAGGAGA  
SEQ ID No. 66: 5'- AGAAGGAGAGGCCCGGTC  
SEQ ID No. 67: 5'- CAAGGGCCACAGGGACCC  
SEQ ID No. 68: 5'- CCAAGGGCCACAGGGACC

Die Sequenzen SEQ ID No. 18 bis SEQ ID No. 68 sind vor allem zum Nachweis von *Zygosaccharomyces mellis* geeignet.

SEQ ID No. 69: 5'- GTCGGAAAAACCAAGTACG  
SEQ ID No. 70: 5'- GCCCGGTCGGAAAAACCA  
SEQ ID No. 71: 5'- CCGGTCGGAAAAACCAAGT  
SEQ ID No. 72: 5'- CCCGGTCGGAAAAACCAAG  
SEQ ID No. 73: 5'- TCGGAAAAACCAAGTACGC  
SEQ ID No. 74: 5'- CGGAAAAACCAAGTACGCG

SEQ ID No. 75: 5'- GGAAAAACCAGTACGCGG  
SEQ ID No. 76: 5'- GTACGCGGAAAAATCCGG  
SEQ ID No. 77: 5'- AGTACGCGGAAAAATCCG  
SEQ ID No. 78: 5'- GCGGAAAAATCCGGACCG  
SEQ ID No. 79: 5'- GGTCGGAAAAACCAGTAC  
SEQ ID No. 80: 5'- ACTCCTAGTGGTGCCCTT  
SEQ ID No. 81: 5'- GCTCCACTCCTAGTGGTG  
SEQ ID No. 82: 5'- CACTCCTAGTGGTGCCCT  
SEQ ID No. 83: 5'- CTCCACTCCTAGTGGTGC  
SEQ ID No. 84: 5'- TCCACTCCTAGTGGTGCC  
SEQ ID No. 85: 5'- CCACTCCTAGTGGTGCCC  
SEQ ID No. 86: 5'- GGCTCCACTCCTAGTGGT  
SEQ ID No. 87: 5'- AGGCTCCACTCCTAGTGG  
SEQ ID No. 88: 5'- GGCCCGGTCGGAAAAACC  
SEQ ID No. 89: 5'- GAAAAACCAGTACGCGGA  
SEQ ID No. 90: 5'- CGCGGAAAAATCCGGACC  
SEQ ID No. 91: 5'- CAGTACGCGGAAAAATCC  
SEQ ID No. 92: 5'- CGGTCGGAAAAACCAGTA  
SEQ ID No. 93: 5'- AAGGCCCGGTCGGAAAAA  
SEQ ID No. 94: 5'- CAGGCTCCACTCCTAGTG  
SEQ ID No. 95: 5'- CTCCTAGTGGTGCCCTTC  
SEQ ID No. 96: 5'- TCCTAGTGGTGCCCTTCC  
SEQ ID No. 97: 5'- GCAGGCTCCACTCCTAGT  
SEQ ID No. 98: 5'- AGGCCCGGTCGGAAAAAC  
SEQ ID No. 99: 5'- ACGCGGAAAAATCCGGAC  
SEQ ID No. 100: 5'- CCAGTACGCGGAAAAATC  
SEQ ID No. 101: 5'- CTAGTGGTGCCCTTCCGT  
SEQ ID No. 102: 5'- GAAAGGCCCGGTCGGAAA

SEQ ID No. 103: 5'- AAAGGCCCGGTCGGAAAA  
SEQ ID No. 104: 5'- TACGCGGAAAAATCCGGA  
SEQ ID No. 105: 5'- GGAAAGGCCCGGTCGGAA  
SEQ ID No. 106: 5'- ATCTCTTCCGAAAGGTCG  
SEQ ID No. 107: 5'- CATCTCTTCCGAAAGGTC  
SEQ ID No. 108: 5'- CTCTTCCGAAAGGTCGAG  
SEQ ID No. 109: 5'- CTTCCGAAAGGTCGAGAT  
SEQ ID No. 110: 5'- TCTCTTCCGAAAGGTCGA  
SEQ ID No. 111: 5'- TCTTCCGAAAGGTCGAGA  
SEQ ID No. 112: 5'- CCTAGTGGTGCCCTTCCG  
SEQ ID No. 113: 5'- TAGTGGTGCCCTTCCGTC  
SEQ ID No. 114: 5'- AGTGGTGCCCTTCCGTCA  
SEQ ID No. 115: 5'- GCCAAGGTTAGACTCGTT  
SEQ ID No. 116: 5'- GGCCAAGGTTAGACTCGT  
SEQ ID No. 117: 5'- CCAAGGTTAGACTCGTTG  
SEQ ID No. 118: 5'- CAAGGTTAGACTCGTTGG  
SEQ ID No. 119: 5'- AAGGTTAGACTCGTTGGC

Die Sequenzen SEQ ID No. 69 bis SEQ ID No. 119 sind vor allem zum Nachweis von *Zygosaccharomyces rouxii* geeignet.

SEQ ID No. 120: 5'- GGCCCCGGTCGAAATTAAA  
SEQ ID No. 121: 5'- AGGCCCCGGTCGAAATTAA  
SEQ ID No. 122: 5'- AAGGCCCGGTCGAAATTA  
SEQ ID No. 123: 5'- AAAGGCCCGGTCGAAATT  
SEQ ID No. 124: 5'- GAAAGGCCCGGTCGAAAT  
SEQ ID No. 125: 5'- ATATTCGAGCGAAACGCC  
SEQ ID No. 126: 5'- GGAAAGGCCCGGTCGAAA

SEQ ID No. 127: 5'-AAAGATCCGGACCGGCCG  
SEQ ID No. 128: 5'-GGAAAGATCCGGACCGGC  
SEQ ID No. 129: 5'-GAAAGATCCGGACCGGCC  
SEQ ID No. 130: 5'-GATCCGGACCGGCCGACC  
SEQ ID No. 131: 5'-AGATCCGGACCGGCCGAC  
SEQ ID No. 132: 5'-AAGATCCGGACCGGCCGA  
SEQ ID No. 133: 5'-AGGAAAGGCCCGGTCGAA  
SEQ ID No. 134: 5'-AAGGAAAGGCCCGGTCGA

Die Sequenzen SEQ ID No. 120 bis SEQ ID No. 134 sind vor allem zum Nachweis von *Zygosaccharomyces bisporus* geeignet.

SEQ ID No. 135: 5'-CGAGCAAAACGCCTGCTTTG  
SEQ ID No. 136: 5'-CGCTCTGAAAGAGAGTTGCC

Die Sequenzen SEQ ID No. 135 und SEQ ID No. 136 sind vor allem zum Nachweis von *Hanseniaspora uvarum* geeignet.

SEQ ID No. 137: 5'-AGTTGCCCCCTACACTAGAC

Die Sequenz SEQ ID No. 137 ist vor allem zum Nachweis von *Candida intermedia* geeignet.

SEQ ID No. 138: 5'-AGTTGCCCCCTCCTCTAAGC

Die Sequenz SEQ ID No. 138 ist vor allem zum Nachweis von *Saccharomyces exiguus* geeignet.

SEQ ID No. 139: 5'-CTGCCACAAGGACAAATGGT

SEQ ID No. 140: 5'-TGCCCCCTCTTCTAAGCAAAT

Die Sequenzen SEQ ID No. 139 und SEQ ID No. 140 sind vor allem zum Nachweis von *Saccharomyces ludwigii* geeignet.

b) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Schimmelpilze nachweisen:

SEQ ID No. 141: 5'-AAGACCAGGCCACCTCAT

Die Sequenz SEQ ID No. 141 ist vor allem zum Nachweis von *Mucor racemosus* geeignet.

SEQ ID No. 142: 5'-CATCATAGAACACCGTCC

Die Sequenz SEQ ID No. 142 ist vor allem zum Nachweis von *Byssoschlamys nivea* geeignet.

SEQ ID No. 143: 5'-CCTTCCGAAGTCGAGGTTTT

Die Sequenz SEQ ID No. 143 ist vor allem zum spezifischen Nachweis von *Neosartorya fischeri* geeignet.

SEQ ID No. 144: 5'-GGGAGTGTTGCCAACTC

Die Sequenz SEQ ID No. 144 ist vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von *Aspergillus fumigatus* und *A. fischeri* geeignet.

SEQ ID No. 145: 5'- AGCGGTCGTTTCGCAACCCT

Die Sequenz SEQ ID No. 145 ist vor allem zum Nachweis von *Talaromyces flavus* geeignet.

SEQ ID No. 146: 5'- CCGAAGTCGGGGTTTTGCGG

Die Sequenz SEQ ID No. 146 ist vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von *Talaromyces bacillisporus* und *T. flavus* geeignet.

c) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Milchsäurebakterien nachweisen:

SEQ ID No. 147: 5'- GATAGCCGAAACCACCTTTC

SEQ ID No. 148: 5'- GCCGAAACCACCTTTCAAAC

SEQ ID No. 149: 5'- GTGATAGCCGAAACCACCTT

SEQ ID No. 150: 5'- AGTGATAGCCGAAACCACCT

SEQ ID No. 151: 5'- TTTAACGGGATGCGTTCGAC

SEQ ID No. 152: 5'- AAGTGATAGCCGAAACCACC

SEQ ID No. 153: 5'- GGTTGAATACCGTCAACGTC

SEQ ID No. 154: 5'- GCACAGTATGTCAAGACCTG

SEQ ID No. 155: 5'- CATCCGATGTGCAAGCACTT

SEQ ID No. 156: 5'- TCATCCGATGTGCAAGCACT

SEQ ID No. 157: 5'- CCGATGTGCAAGCACTTCAT

SEQ ID No. 158: 5'- CCACTCATCCGATGTGCAAG

SEQ ID No. 159: 5'- GCCACAGTTCGCCACTCATC

SEQ ID No. 160: 5'- CCTCCGCGTTTGTACCGGC

SEQ ID No. 161: 5'- ACCAGTTCGCCACAGTTCGC

SEQ ID No. 162: 5'- CACTCATCCGATGTGCAAGC

SEQ ID No. 163: 5'- CCAGTTCGCCACAGTTCGCC  
SEQ ID No. 164: 5'- CTCATCCGATGTGCAAGCAC  
SEQ ID No. 165: 5'- TCCGATGTGCAAGCACTTCA  
SEQ ID No. 166: 5'- CGCCACTCATCCGATGTGCA  
SEQ ID No. 167: 5'- CAGTTCGCCACAGTTCGCCA  
SEQ ID No. 168: 5'- GCCACTCATCCGATGTGCAA  
SEQ ID No. 169: 5'- CGCCACAGTTCGCCACTCAT  
SEQ ID No. 170: 5'- ATCCGATGTGCAAGCACTTC  
SEQ ID No. 171: 5'- GTTCGCCACAGTTCGCCACT  
SEQ ID No. 172: 5'- TCCTCCGCGTTTGTACCGG  
SEQ ID No. 173: 5'- CGCCAGGGTTCATCCTGAGC  
SEQ ID No. 174: 5'- AGTTCGCCACAGTTCGCCAC  
SEQ ID No. 175: 5'- TCGCCACAGTTCGCCACTCA  
SEQ ID No. 176: 5'- TTAACGGGATGCGTTCGACT  
SEQ ID No. 177: 5'- TCGCCACTCATCCGATGTGC  
SEQ ID No. 178: 5'- CCACAGTTCGCCACTCATCC  
SEQ ID No. 179: 5'- GATTTAACGGGATGCGTTTCG  
SEQ ID No. 180: 5'- TAACGGGATGCGTTCGACTT  
SEQ ID No. 181: 5'- AACGGGATGCGTTCGACTTG  
SEQ ID No. 182: 5'- CGAAGGTTACCGAACCGACT  
SEQ ID No. 183: 5'- CCGAAGGTTACCGAACCGAC  
SEQ ID No. 184: 5'- CCCGAAGGTTACCGAACCGA  
SEQ ID No. 185: 5'- TTCCTCCGCGTTTGTACCG  
SEQ ID No. 186: 5'- CCGCCAGGGTTCATCCTGAG  
SEQ ID No. 187: 5'- TCCTTCCAGAAGTGATAGCC  
SEQ ID No. 188: 5'- CACCAGTTCGCCACAGTTCG  
SEQ ID No. 189: 5'- ACGGGATGCGTTCGACTTGC  
SEQ ID No. 190: 5'- GTCCTTCCAGAAGTGATAGC



SEQ ID No. 191: 5'- GCCAGGGTTCATCCTGAGCC  
SEQ ID No. 192: 5'- ACTCATCCGATGTGCAAGCA  
SEQ ID No. 193: 5'- ATCATTGCCTTGGTGAACCG  
SEQ ID No. 194: 5'- TCCGCGTTTGTCAACCGGCAG  
SEQ ID No. 195: 5'- TGAACCGT TACTCCACCAAC  
SEQ ID No. 196: 5'- GAAGTGATAGCCGAAACCAC  
SEQ ID No. 197: 5'- CCGCGTTTGTCAACCGGCAGT  
SEQ ID No. 198: 5'- TTCGCCACTCATCCGATGTG  
SEQ ID No. 199: 5'- CATTTAACGGGATGCGTTCG  
SEQ ID No. 200: 5'- CACAGTTCGCCACTCATCCG  
SEQ ID No. 201: 5'- TTCGCCACAGTTCGCCACTC  
SEQ ID No. 202: 5'- CTCCGCGTTTGTCAACCGGCA  
SEQ ID No. 203: 5'- ACGCCGCCAGGGTTCATCCT  
SEQ ID No. 204: 5'- CCTTCCAGAAGTGATAGCCG  
SEQ ID No. 205: 5'- TCATTGCCTTGGTGAACCGT  
SEQ ID No. 206: 5'- CACAGTATGTCAAGACCTGG  
SEQ ID No. 207: 5'- TTGGTGAACCGT TACTCCAC  
SEQ ID No. 208: 5'- CTTGGTGAACCGT TACTCCA  
SEQ ID No. 209: 5'- GTGAACCGT TACTCCACCAA  
SEQ ID No. 210: 5'- GGCTCCCGAAGGTTACCGAA  
SEQ ID No. 211: 5'- GAAGGTTACCGAACCGACTT  
SEQ ID No. 212: 5'- TGGCTCCCGAAGGTTACCGA  
SEQ ID No. 213: 5'- TAATACGCCGCGGGTCCTTC  
SEQ ID No. 214: 5'- GAACCGT TACTCCACCAACT  
SEQ ID No. 215: 5'- TACGCCGCGGGTCCTTCCAG  
SEQ ID No. 216: 5'- TCACCAGTTCGCCACAGTTC  
SEQ ID No. 217: 5'- CCTTGGTGAACCGT TACTCC  
SEQ ID No. 218: 5'- CTCACCAGTTCGCCACAGTT

SEQ ID No. 219: 5'- CGCCGCCAGGGTTCATCCTG  
SEQ ID No. 220: 5'- CCTTGGTGAACCATTACTCC  
SEQ ID No. 221: 5'- TGGTGAACCATTACTCCACC  
SEQ ID No. 222: 5'- GCCGCCAGGGTTCATCCTGA  
SEQ ID No. 223: 5'- GGTGAACCATTACTCCACCA  
SEQ ID No. 224: 5'- CCAGGGTTCATCCTGAGCCA  
SEQ ID No. 225: 5'- AATACGCCGCGGGTCCTTCC  
SEQ ID No. 226: 5'- CACGCCGCCAGGGTTCATCC  
SEQ ID No. 227: 5'- AGTTCGCCACTCATCCGATG  
SEQ ID No. 228: 5'- CGGGATGCGTTCGACTTGCA  
SEQ ID No. 229: 5'- CATTGCCTTGGTGAACCGTT  
SEQ ID No. 230: 5'- GCACGCCGCCAGGGTTCATC  
SEQ ID No. 231: 5'- CTTCTCCTCCGCGTTTGTACC  
SEQ ID No. 232: 5'- TGGTGAACCGTTACTCCACC  
SEQ ID No. 233: 5'- CCTTCCTCCGCGTTTGTAC  
SEQ ID No. 234: 5'- ACGCCGCGGGTCCTTCCAGA  
SEQ ID No. 235: 5'- GGTGAACCGTTACTCCACCA  
SEQ ID No. 236: 5'- GGGTCCTTCCAGAAGTGATA  
SEQ ID No. 237: 5'- CTTCCAGAAGTGATAGCCGA  
SEQ ID No. 238: 5'- GCCTTGGTGAACCATTACTC  
SEQ ID No. 239: 5'- ACAGTTCGCCACTCATCCGA  
SEQ ID No. 240: 5'- ACCTTCCTCCGCGTTTGTCA  
SEQ ID No. 241: 5'- CGAACCGACTTTGGGTGTTG  
SEQ ID No. 242: 5'- GAACCGACTTTGGGTGTTGC  
SEQ ID No. 243: 5'- AGGTTACCGAACCGACTTTG  
SEQ ID No. 244: 5'- ACCGAACCGACTTTGGGTGT  
SEQ ID No. 245: 5'- TTACCGAACCGACTTTGGGT  
SEQ ID No. 246: 5'- TACCGAACCGACTTTGGGTG

SEQ ID No. 247: 5'- GTTACCGAACCGACTTTGGG

Die Sequenzen SEQ ID No. 147 bis SEQ ID No. 247 sind vor allem zum Nachweis von *Lactobacillus collinoides* geeignet.

SEQ ID No. 248: 5'- AGTTGCAGTCCAGTAAGCCG

SEQ ID No. 249: 5'- GTTGCAGTCCAGTAAGCCGC

SEQ ID No. 250: 5'- CAGTTGCAGTCCAGTAAGCC

SEQ ID No. 251: 5'- TGCAGTCCAGTAAGCCGCCT

SEQ ID No. 252: 5'- TCAGTTGCAGTCCAGTAAGC

SEQ ID No. 253: 5'- TTGCAGTCCAGTAAGCCGCC

SEQ ID No. 254: 5'- GCAGTCCAGTAAGCCGCCTT

SEQ ID No. 255: 5'- GTCAGTTGCAGTCCAGTAAG

SEQ ID No. 256: 5'- CTCTAGGTGACGCCGAAGCG

SEQ ID No. 257: 5'- ATCTCTAGGTGACGCCGAAG

SEQ ID No. 258: 5'- TCTAGGTGACGCCGAAGCGC

SEQ ID No. 259: 5'- TCTCTAGGTGACGCCGAAGC

SEQ ID No. 260: 5'- CCATCTCTAGGTGACGCCGA

SEQ ID No. 261: 5'- CATCTCTAGGTGACGCCGAA

SEQ ID No. 262: 5'- TAGGTGACGCCGAAGCGCCT

SEQ ID No. 263: 5'- CTAGGTGACGCCGAAGCGCC

SEQ ID No. 264: 5'- CTTAGACGGCTCCTTCCTAA

SEQ ID No. 265: 5'- CCTTAGACGGCTCCTTCCTA

SEQ ID No. 266: 5'- ACGTCAGTTGCAGTCCAGTA

SEQ ID No. 267: 5'- CGTCAGTTGCAGTCCAGTAA

SEQ ID No. 268: 5'- ACGCCGAAGCGCCTTTTAAC

SEQ ID No. 269: 5'- GACGCCGAAGCGCCTTTTAA

SEQ ID No. 270: 5'- GCCGAAGCGCCTTTTAACTT

SEQ ID No. 271: 5'- CGCCGAAGCGCCTTTTAACT  
SEQ ID No. 272: 5'- GTGACGCCGAAGCGCCTTTT  
SEQ ID No. 273: 5'- TGACGCCGAAGCGCCTTTTA  
SEQ ID No. 274: 5'- AGACGGCTCCTTCCTAAAAG  
SEQ ID No. 275: 5'- ACGGCTCCTTCCTAAAAGGT  
SEQ ID No. 276: 5'- GACGGCTCCTTCCTAAAAGG  
SEQ ID No. 277: 5'- CCTTCCTAAAAGGTTAGGCC

Die Sequenzen SEQ ID No. 248 bis SEQ ID No. 277 sind vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von *Leuconostoc mesenteroides* und *L. pseudomesenteroides* geeignet.

SEQ ID No. 278: 5'- GGTGACGCCAAAGCGCCTTT  
SEQ ID No. 279: 5'- AGGTGACGCCAAAGCGCCTT  
SEQ ID No. 280: 5'- TAGGTGACGCCAAAGCGCCT  
SEQ ID No. 281: 5'- CTCTAGGTGACGCCAAAGCG  
SEQ ID No. 282: 5'- TCTAGGTGACGCCAAAGCGC  
SEQ ID No. 283: 5'- CTAGGTGACGCCAAAGCGCC  
SEQ ID No. 284: 5'- ACGCCAAAGCGCCTTTTAAC  
SEQ ID No. 285: 5'- CGCCAAAGCGCCTTTTAACT  
SEQ ID No. 286: 5'- TGACGCCAAAGCGCCTTTTA  
SEQ ID No. 287: 5'- TCTCTAGGTGACGCCAAAGC  
SEQ ID No. 288: 5'- GTGACGCCAAAGCGCCTTTT  
SEQ ID No. 289: 5'- GACGCCAAAGCGCCTTTTAA  
SEQ ID No. 290: 5'- ATCTCTAGGTGACGCCAAAG  
SEQ ID No. 291: 5'- CATCTCTAGGTGACGCCAAA  
SEQ ID No. 292: 5'- TCCATCTCTAGGTGACGCCA  
SEQ ID No. 293: 5'- CCATCTCTAGGTGACGCCAA  
SEQ ID No. 294: 5'- CTGCCTTAGACGGCTCCCCC

SEQ ID No. 295: 5'- CCTGCCTTAGACGGCTCCCC  
SEQ ID No. 296: 5'- GTGTCATGCGACACTGAGTT  
SEQ ID No. 297: 5'- TGTGTCATGCGACACTGAGT  
SEQ ID No. 298: 5'- CTTTGTGTCATGCGACACTG  
SEQ ID No. 299: 5'- TTGTGTCATGCGACACTGAG  
SEQ ID No. 300: 5'- TGCCTTAGACGGCTCCCCCT  
SEQ ID No. 301: 5'- AGACGGCTCCCCCTAAAAGG  
SEQ ID No. 302: 5'- TAGACGGCTCCCCCTAAAAG  
SEQ ID No. 303: 5'- GCCTTAGACGGCTCCCCCTA  
SEQ ID No. 304: 5'- GCTCCCCCTAAAAGGTTAGG  
SEQ ID No. 305: 5'- GGCTCCCCCTAAAAGGTTAG  
SEQ ID No. 306: 5'- CTCCCCCTAAAAGGTTAGGC  
SEQ ID No. 307: 5'- TCCCCCTAAAAGGTTAGGCC  
SEQ ID No. 308: 5'- CCCTAAAAGGTTAGGCCACC  
SEQ ID No. 309: 5'- CCCCTAAAAGGTTAGGCCAC  
SEQ ID No. 310: 5'- CGGCTCCCCCTAAAAGGTTA  
SEQ ID No. 311: 5'- CCCCCTAAAAGGTTAGGCCA  
SEQ ID No. 312: 5'- CTTAGACGGCTCCCCCTAAA  
SEQ ID No. 313: 5'- TTAGACGGCTCCCCCTAAAA  
SEQ ID No. 314: 5'- GGGTTCGCAACTCGTTGTAT  
SEQ ID No. 315: 5'- CCTTAGACGGCTCCCCCTAA  
SEQ ID No. 316: 5'- ACGGCTCCCCCTAAAAGGTT  
SEQ ID No. 317: 5'- GACGGCTCCCCCTAAAAGGT

Die Sequenzen SEQ ID No. 278 bis SEQ ID No. 317 sind vor allem zum Nachweis von *Leuconostoc pseudomesenteroides* geeignet.

SEQ ID No. 318: 5'- ACGCCGCAAGACCATCCTCT

SEQ ID No. 319: 5'- CTAATACGCCGCAAGACCAT  
SEQ ID No. 320: 5'- TACGCCGCAAGACCATCCTC  
SEQ ID No. 321: 5'- GTTACGATCTAGCAAGCCGC  
SEQ ID No. 322: 5'- AATACGCCGCAAGACCATCC  
SEQ ID No. 323: 5'- CGCCGCAAGACCATCCTCTA  
SEQ ID No. 324: 5'- GCTAATACGCCGCAAGACCA  
SEQ ID No. 325: 5'- ACCATCCTCTAGCGATCCAA  
SEQ ID No. 326: 5'- TAATACGCCGCAAGACCATC  
SEQ ID No. 327: 5'- AGCCATCCCTTTCTGGTAAG  
SEQ ID No. 328: 5'- ATACGCCGCAAGACCATCCT  
SEQ ID No. 329: 5'- AGTTACGATCTAGCAAGCCG  
SEQ ID No. 330: 5'- AGCTAATACGCCGCAAGACC  
SEQ ID No. 331: 5'- GCCGCAAGACCATCCTCTAG  
SEQ ID No. 332: 5'- TTACGATCTAGCAAGCCGCT  
SEQ ID No. 333: 5'- GACCATCCTCTAGCGATCCA  
SEQ ID No. 334: 5'- TTGCTACGTCACTAGGAGGC  
SEQ ID No. 335: 5'- ACGTCACTAGGAGGCGGAAA  
SEQ ID No. 336: 5'- TTTGCTACGTCACTAGGAGG  
SEQ ID No. 337: 5'- GCCATCCCTTTCTGGTAAGG  
SEQ ID No. 338: 5'- TACGTCACTAGGAGGCGGAA  
SEQ ID No. 339: 5'- CGTCACTAGGAGGCGGAAAC  
SEQ ID No. 340: 5'- AAGACCATCCTCTAGCGATC  
SEQ ID No. 341: 5'- GCACGTATTTAGCCATCCCT  
SEQ ID No. 342: 5'- CTCTAGCGATCCAAAAGGAC  
SEQ ID No. 343: 5'- CCTCTAGCGATCCAAAAGGA  
SEQ ID No. 344: 5'- CCATCCTCTAGCGATCCAAA  
SEQ ID No. 345: 5'- GGCACGTATTTAGCCATCCC  
SEQ ID No. 346: 5'- TACGATCTAGCAAGCCGCTT

SEQ ID No. 347: 5'- CAGTTACGATCTAGCAAGCC  
SEQ ID No. 348: 5'- CCGCAAGACCATCCTCTAGC  
SEQ ID No. 349: 5'- CCATCCCTTTCTGGTAAGGT  
SEQ ID No. 350: 5'- AGACCATCCTCTAGCGATCC  
SEQ ID No. 351: 5'- CAAGACCATCCTCTAGCGAT  
SEQ ID No. 352: 5'- GCTACGTCACTAGGAGGCGG  
SEQ ID No. 353: 5'- TGCTACGTCACTAGGAGGCG  
SEQ ID No. 354: 5'- CTACGTCACTAGGAGGCGGA  
SEQ ID No. 355: 5'- CCTCAACGTCAGTTACGATC  
SEQ ID No. 356: 5'- GTCACTAGGAGGCGGAAACC  
SEQ ID No. 357: 5'- TCCTCTAGCGATCCAAAAGG  
SEQ ID No. 358: 5'- TGGCACGTATTTAGCCATCC  
SEQ ID No. 359: 5'- ACGATCTAGCAAGCCGCTTT  
SEQ ID No. 360: 5'- GCCAGTCTCTCAACTCGGCT  
SEQ ID No. 361: 5'- AAGCTAATACGCCGCAAGAC  
SEQ ID No. 362: 5'- GTTTGCTACGTCACTAGGAG  
SEQ ID No. 363: 5'- CGCCACTCTAGTCATTGCCT  
SEQ ID No. 364: 5'- GGCCAGCCAGTCTCTCAACT  
SEQ ID No. 365: 5'- CAGCCAGTCTCTCAACTCGG  
SEQ ID No. 366: 5'- CCCGAAGATCAATTCAGCGG  
SEQ ID No. 367: 5'- CCGGCCAGTCTCTCAACTCG  
SEQ ID No. 368: 5'- CCAGCCAGTCTCTCAACTCG  
SEQ ID No. 369: 5'- TCATTGCCTCACTTCACCCG  
SEQ ID No. 370: 5'- GCCAGCCAGTCTCTCAACTC  
SEQ ID No. 371: 5'- CACCCGAAGATCAATTCAGC  
SEQ ID No. 372: 5'- GTCATTGCCTCACTTCACCC  
SEQ ID No. 373: 5'- CATTGCCTCACTTCACCCGA  
SEQ ID No. 374: 5'- ATTGCCTCACTTCACCCGAA

SEQ ID No. 375: 5'- CGAAGATCAATTCAGCGGCT  
SEQ ID No. 376: 5'- AGTCATTGCCTCACTTCACC  
SEQ ID No. 377: 5'- TCGCCACTCTAGTCATTGCC  
SEQ ID No. 378: 5'- TTGCCTCACTTCACCCGAAG  
SEQ ID No. 379: 5'- CGGCCAGTCTCTCAACTCGG  
SEQ ID No. 380: 5'- CTGGCACGTATTTAGCCATC  
SEQ ID No. 381: 5'- ACCCGAAGATCAATTCAGCG  
SEQ ID No. 382: 5'- TCTAGCGATCCAAAAGGACC  
SEQ ID No. 383: 5'- CTAGCGATCCAAAAGGACCT  
SEQ ID No. 384: 5'- GCACCCATCGTTTACGGTAT  
SEQ ID No. 385: 5'- CACCCATCGTTTACGGTATG  
SEQ ID No. 386: 5'- GCCACTCTAGTCATTGCCTC  
SEQ ID No. 387: 5'- CGTTTGCTACGTCACTAGGA  
SEQ ID No. 388: 5'- GCCTCAACGTCAGTTACGAT  
SEQ ID No. 389: 5'- GCCGGCCAGTCTCTCAACTC  
SEQ ID No. 390: 5'- TCACTAGGAGGCGGAAACCT  
SEQ ID No. 391: 5'- AGCCTCAACGTCAGTTACGA  
SEQ ID No. 392: 5'- AGCCAGTCTCTCAACTCGGC  
SEQ ID No. 393: 5'- GGCCAGTCTCTCAACTCGGC  
SEQ ID No. 394: 5'- CAAGCTAATACGCCGCAAGA  
SEQ ID No. 395: 5'- TTCGCCACTCTAGTCATTGC  
SEQ ID No. 396: 5'- CCGAAGATCAATTCAGCGGC  
SEQ ID No. 397: 5'- CGCAAGACCATCCTCTAGCG  
SEQ ID No. 398: 5'- GCAAGACCATCCTCTAGCGA  
SEQ ID No. 399: 5'- GCGTTTGCTACGTCACTAGG  
SEQ ID No. 400: 5'- CCACTCTAGTCATTGCCTCA  
SEQ ID No. 401: 5'- CACTCTAGTCATTGCCTCAC  
SEQ ID No. 402: 5'- CCAGTCTCTCAACTCGGCTA



SEQ ID No. 403: 5'- TTACCTTAGGCACCGGCCTC  
SEQ ID No. 404: 5'- ACAAGCTAATACGCCGCAAG  
SEQ ID No. 405: 5'- TTTACCTTAGGCACCGGCCT  
SEQ ID No. 406: 5'- TTTTACCTTAGGCACCGGCC  
SEQ ID No. 407: 5'- ATTTTACCTTAGGCACCGGC  
SEQ ID No. 408: 5'- GATTTTACCTTAGGCACCGG  
SEQ ID No. 409: 5'- CTCACTTCACCCGAAGATCA  
SEQ ID No. 410: 5'- ACGCCACCAGCGTTCATCCT  
SEQ ID No. 411: 5'- GCCAAGCGACTTTGGGTACT  
SEQ ID No. 412: 5'- CGGAAAATTCCCTACTGCAG  
SEQ ID No. 413: 5'- CGATCTAGCAAGCCGCTTTC  
SEQ ID No. 414: 5'- GGTACCGTCAAGCTGAAAAC  
SEQ ID No. 415: 5'- TGCCTCACTTCACCCGAAGA  
SEQ ID No. 416: 5'- GGCCGGCCAGTCTCTCAACT  
SEQ ID No. 417: 5'- GGTAAGGTACCGTCAAGCTG  
SEQ ID No. 418: 5'- GTAAGGTACCGTCAAGCTGA

Die Sequenzen SEQ ID No. 318 bis SEQ ID No. 418 sind vor allem zum Nachweis von *Oenococcus oenos* geeignet.

SEQ ID No. 419: 5'- AACCTTCATCACACACG  
SEQ ID No. 420: 5'- CGAAACCCTTCATCACAC  
SEQ ID No. 421: 5'- ACCCTTCATCACACACGC  
SEQ ID No. 422: 5'- TACCGTCACACACTGAAC  
SEQ ID No. 423: 5'- AGATACCGTCACACACTG  
SEQ ID No. 424: 5'- CACTCAAGGGCGGAAACC  
SEQ ID No. 425: 5'- ACCGTCACACACTGAACA  
SEQ ID No. 426: 5'- CGTCACACACTGAACAGT

SEQ ID No. 427: 5'- CCGAAACCCTTCATCACA  
SEQ ID No. 428: 5'- CCGTCACACACTGAACAG  
SEQ ID No. 429: 5'- GATACCGTCACACACTGA  
SEQ ID No. 430: 5'- GGTAAGATAACCGTCACAC  
SEQ ID No. 431: 5'- CCCTTCATCACACACGCG  
SEQ ID No. 432: 5'- ACAGTGTTTTACGAGCCG  
SEQ ID No. 433: 5'- CAGTGTTTTACGAGCCGA  
SEQ ID No. 434: 5'- ACAAAGCGTTCGACTTGC  
SEQ ID No. 435: 5'- CGGATAACGCTTGGAACA  
SEQ ID No. 436: 5'- AGGGCGGAAACCCTCGAA  
SEQ ID No. 437: 5'- GGGCGGAAACCCTCGAAC  
SEQ ID No. 438: 5'- GGC GGAAACCCTCGAACA  
SEQ ID No. 439: 5'- TGAGGGCTTTCACTTCAG  
SEQ ID No. 440: 5'- AGGGCTTTCACTTCAGAC  
SEQ ID No. 441: 5'- GAGGGCTTTCACTTCAGA  
SEQ ID No. 442: 5'- ACTGCACTCAAGTCATCC  
SEQ ID No. 443: 5'- CCGGATAACGCTTGGAAC  
SEQ ID No. 444: 5'- TCCGGATAACGCTTGGA  
SEQ ID No. 445: 5'- TATCCCCTGCTAAGAGGT  
SEQ ID No. 446: 5'- CCTGCTAAGAGGTAGGTT  
SEQ ID No. 447: 5'- CCCTGCTAAGAGGTAGGT  
SEQ ID No. 448: 5'- CCCCTGCTAAGAGGTAGG  
SEQ ID No. 449: 5'- TCCCCTGCTAAGAGGTAG  
SEQ ID No. 450: 5'- ATCCCCTGCTAAGAGGTA  
SEQ ID No. 451: 5'- CCGTTCCTTTCTGGTAAG  
SEQ ID No. 452: 5'- GCCGTTCTTTCTGGTAA  
SEQ ID No. 453: 5'- AGCCGTTCTTTCTGGTA  
SEQ ID No. 454: 5'- GCACGTATTTAGCCGTTTC

SEQ ID No. 455: 5'-CACGTATTTAGCCGTTCC  
SEQ ID No. 456: 5'-GGCACGTATTTAGCCGTT  
SEQ ID No. 457: 5'-CACTTTCCTCTACTGCAC  
SEQ ID No. 458: 5'-CCACTTTCCTCTACTGCA  
SEQ ID No. 459: 5'-TCCACTTTCCTCTACTGC  
SEQ ID No. 460: 5'-CTTTCCTCTACTGCACTC  
SEQ ID No. 461: 5'-TAGCCGTTCCCTTTCTGGT  
SEQ ID No. 462: 5'-TTAGCCGTTCCCTTTCTGG  
SEQ ID No. 463: 5'-TTATCCCCTGCTAAGAGG  
SEQ ID No. 464: 5'-GTTATCCCCTGCTAAGAG  
SEQ ID No. 465: 5'-CCCGTTTCGCCACTCTTTG  
SEQ ID No. 466: 5'-AGCTGAGGGCTTTCACCT  
SEQ ID No. 467: 5'-GAGCTGAGGGCTTTCACCT  
SEQ ID No. 468: 5'-GCTGAGGGCTTTCACCTC  
SEQ ID No. 469: 5'-CTGAGGGCTTTCACCTCA

Die Sequenzen SEQ ID No. 419 bis SEQ ID No. 469 sind vor allem zum Nachweis von Bakterien der Gattung *Weissella* geeignet.

SEQ ID No. 470: 5' CCCGTGTCCCGAAGGAAC  
SEQ ID No. 471: 5' GCACGAGTATGTCAAGAC  
SEQ ID No. 472: 5' GTATCCCGTGTCCCGAAG  
SEQ ID No. 473: 5' TCCCGTGTCCCGAAGGAA  
SEQ ID No. 474: 5' ATCCCGTGTCCCGAAGGA  
SEQ ID No. 475: 5' TATCCCGTGTCCCGAAGG  
SEQ ID No. 476: 5' CTTACCTTAGGAAGCGCC  
SEQ ID No. 477: 5' TTACCTTAGGAAGCGCCC  
SEQ ID No. 478: 5' CCTGTATCCCGTGTCCCG

SEQ ID No. 479: 5' CCACCTGTATCCCGTGTC  
SEQ ID No. 480: 5' CACCTGTATCCCGTGTC  
SEQ ID No. 481: 5' ACCTGTATCCCGTGTC  
SEQ ID No. 482: 5' CTGTATCCCGTGTCGGA  
SEQ ID No. 483: 5' TGTATCCCGTGTCGGA  
SEQ ID No. 484: 5' CACGAGTATGTCAAGACC  
SEQ ID No. 485: 5' CGGTCTTACCTTAGGAAG  
SEQ ID No. 486: 5' TAGGAAGCGCCCTCCTTG  
SEQ ID No. 487: 5' AGGAAGCGCCCTCCTTGC  
SEQ ID No. 488: 5' TTAGGAAGCGCCCTCCTT  
SEQ ID No. 489: 5' CTTAGGAAGCGCCCTCCT  
SEQ ID No. 490: 5' CCTTAGGAAGCGCCCTCC  
SEQ ID No. 491: 5' ACCTTAGGAAGCGCCCTC  
SEQ ID No. 492: 5' TGCACACAATGGTTGAGC  
SEQ ID No. 493: 5' TACCTTAGGAAGCGCCCT  
SEQ ID No. 494: 5' ACCACCTGTATCCCGTGT  
SEQ ID No. 495: 5' GCACCACCTGTATCCCGT  
SEQ ID No. 496: 5' CACCACCTGTATCCCGTG  
SEQ ID No. 497: 5' GCGGTTAGGCAACCTACT  
SEQ ID No. 498: 5' TGCGGTAGGCAACCTAC  
SEQ ID No. 499: 5' TTGCGGTAGGCAACCTA  
SEQ ID No. 500: 5' GGTCTTACCTTAGGAAGC  
SEQ ID No. 501: 5' GCTAATACAACGCGGGAT  
SEQ ID No. 502: 5' CTAATACAACGCGGGATC  
SEQ ID No. 503: 5' ATACAACGCGGGATCATC  
SEQ ID No. 504: 5' CGGTAGGCAACCTACTT  
SEQ ID No. 505: 5' TGCACCACCTGTATCCCG  
SEQ ID No. 506: 5' GAAGCGCCCTCCTTGCGG

SEQ ID No. 507: 5' GGAAGCGCCCTCCTTGCG  
SEQ ID No. 508: 5' CGTCCCTTTCTGGTTAGA  
SEQ ID No. 509: 5' AGCTAATACAACGCGGGA  
SEQ ID No. 510: 5' TAGCTAATACAACGCGGG  
SEQ ID No. 511: 5' CTAGCTAATACAACGCGG  
SEQ ID No. 512: 5' GGCTATGTATCATCGCCT  
SEQ ID No. 513: 5' GAGCCACTGCCTTTTACA  
SEQ ID No. 514: 5' GTCGGCTATGTATCATCG  
SEQ ID No. 515: 5' GGTCGGCTATGTATCATC  
SEQ ID No. 516: 5' CAGGTCGGCTATGTATCA  
SEQ ID No. 517: 5' CGGCTATGTATCATCGCC  
SEQ ID No. 518: 5' TCGGCTATGTATCATCGC  
SEQ ID No. 519: 5' GTCTTACCTTAGGAAGCG  
SEQ ID No. 520: 5' TCTTACCTTAGGAAGCGC

Die Sequenzen SEQ ID No. 470 bis SEQ ID No. 520 sind vor allem zum Nachweis von Bakterien der Gattung *Lactococcus* geeignet.

d) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Essigsäurebakterien nachweisen:

SEQ ID No. 521: 5'- GTACAAACCGCCTACACGCC  
SEQ ID No. 522: 5'- TGTACAAACCGCCTACACGC  
SEQ ID No. 523: 5'- GATCAGCACGATGTCGCCAT  
SEQ ID No. 524: 5'- CTGTACAAACCGCCTACACG  
SEQ ID No. 525: 5'- GAGATCAGCACGATGTCGCC  
SEQ ID No. 526: 5'- AGATCAGCACGATGTCGCCA  
SEQ ID No. 527: 5'- ATCAGCACGATGTCGCCATC

SEQ ID No. 528: 5'- TCAGCACGATGTCGCCATCT  
SEQ ID No. 529: 5'- ACTGTACAAACCGCCTACAC  
SEQ ID No. 530: 5'- CCGCCACTAAGGCCGAAACC  
SEQ ID No. 531: 5'- CAGCACGATGTCGCCATCTA  
SEQ ID No. 532: 5'- TACAAACCGCCTACACGCCC  
SEQ ID No. 533: 5'- AGCACGATGTCGCCATCTAG  
SEQ ID No. 534: 5'- CGGCTTTTAGAGATCAGCAC  
SEQ ID No. 535: 5'- TCCGCCACTAAGGCCGAAAC  
SEQ ID No. 536: 5'- GACTGTACAAACCGCCTACA  
SEQ ID No. 537: 5'- GTCCGCCACTAAGGCCGAAA  
SEQ ID No. 538: 5'- GGGGATTTACATCTGACTG  
SEQ ID No. 539: 5'- CATACAAGCCCTGGTAAGGT  
SEQ ID No. 540: 5'- ACAAGCCCTGGTAAGGTTCT  
SEQ ID No. 541: 5'- ACAAACCGCCTACACGCCCT  
SEQ ID No. 542: 5'- CTGACTGTACAAACCGCCTA  
SEQ ID No. 543: 5'- TGACTGTACAAACCGCCTAC  
SEQ ID No. 544: 5'- ACGATGTCGCCATCTAGCTT  
SEQ ID No. 545: 5'- CACGATGTCGCCATCTAGCT  
SEQ ID No. 546: 5'- CGATGTCGCCATCTAGCTTC  
SEQ ID No. 547: 5'- GCACGATGTCGCCATCTAGC  
SEQ ID No. 548: 5'- GATGTCGCCATCTAGCTTCC  
SEQ ID No. 549: 5'- ATGTCGCCATCTAGCTTCCC  
SEQ ID No. 550: 5'- TGTCGCCATCTAGCTTCCCA  
SEQ ID No. 551: 5'- GCCATCTAGCTTCCCCTGT  
SEQ ID No. 552: 5'- TCGCCATCTAGCTTCCCCT  
SEQ ID No. 553: 5'- CGCCATCTAGCTTCCCCTG  
SEQ ID No. 554: 5'- GTCGCCATCTAGCTTCCCAC  
SEQ ID No. 555: 5'- TACAAGCCCTGGTAAGGTTT

SEQ ID No. 556: 5'- GCCACTAAGGCCGAAACCTT  
SEQ ID No. 557: 5'- ACTAAGGCCGAAACCTTCGT  
SEQ ID No. 558: 5'- CTAAGGCCGAAACCTTCGTG  
SEQ ID No. 559: 5'- CACTAAGGCCGAAACCTTCG  
SEQ ID No. 560: 5'- AAGGCCGAAACCTTCGTGCG  
SEQ ID No. 561: 5'- CCACTAAGGCCGAAACCTTC  
SEQ ID No. 562: 5'- TAAGGCCGAAACCTTCGTGC  
SEQ ID No. 563: 5'- AGGCCGAAACCTTCGTGCGA  
SEQ ID No. 564: 5'- TCTGACTGTACAAACCGCCT  
SEQ ID No. 565: 5'- CATCTGACTGTACAAACCGC  
SEQ ID No. 566: 5'- ATCTGACTGTACAAACCGCC  
SEQ ID No. 567: 5'- CTTTCGTGCGACTTGCATGTG  
SEQ ID No. 568: 5'- CCTTCGTGCGACTTGCATGT  
SEQ ID No. 569: 5'- CTCTCTAGAGTGCCACCCAA  
SEQ ID No. 570: 5'- TCTCTAGAGTGCCACCCAA  
SEQ ID No. 571: 5'- ACGTATCAAATGCAGCTCCC  
SEQ ID No. 572: 5'- CGTATCAAATGCAGCTCCCA  
SEQ ID No. 573: 5'- CGCCACTAAGGCCGAAACCT  
SEQ ID No. 574: 5'- CCGAAACCTTCGTGCGACTT  
SEQ ID No. 575: 5'- GCCGAAACCTTCGTGCGACT  
SEQ ID No. 576: 5'- AACCTTCGTGCGACTTGCAT  
SEQ ID No. 577: 5'- CGAAACCTTCGTGCGACTTG  
SEQ ID No. 578: 5'- ACCTTCGTGCGACTTGCATG  
SEQ ID No. 579: 5'- GAAACCTTCGTGCGACTTGC  
SEQ ID No. 580: 5'- GGCCGAAACCTTCGTGCGAC  
SEQ ID No. 581: 5'- AAACCTTCGTGCGACTTGCA  
SEQ ID No. 582: 5'- CACGTATCAAATGCAGCTCC

Die Sequenzen SEQ ID No. 521 bis SEQ ID No. 582 sind vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von Bakterien der Gattungen *Acetobacter* und *Gluconobacter* geeignet.

SEQ ID No. 583: 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA  
SEQ ID No. 584: 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA  
SEQ ID No. 585: 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC  
SEQ ID No. 586: 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA  
SEQ ID No. 587: 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG  
SEQ ID No. 588: 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA  
SEQ ID No. 589: 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA  
SEQ ID No. 590: 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC  
SEQ ID No. 591: 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA  
SEQ ID No. 592: 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG  
SEQ ID No. 593: 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC  
SEQ ID No. 594: 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA  
SEQ ID No. 595: 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT  
SEQ ID No. 596: 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT  
SEQ ID No. 597: 5'- AACCTCTCTCTCACACTCTAG  
SEQ ID No. 598: 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC  
SEQ ID No. 599: 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC  
SEQ ID No. 600: 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA  
SEQ ID No. 601: 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT  
SEQ ID No. 602: 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG  
SEQ ID No. 603: 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG  
SEQ ID No. 604: 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT  
SEQ ID No. 605: 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC  
SEQ ID No. 606: 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT  
SEQ ID No. 607: 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC



SEQ ID No. 608: 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA  
SEQ ID No. 609: 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT  
SEQ ID No. 610: 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG  
SEQ ID No. 611: 5'- GGTTGCTCACCGGCTTAAG  
SEQ ID No. 612: 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC  
SEQ ID No. 613: 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT  
SEQ ID No. 614: 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC  
SEQ ID No. 615: 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC  
SEQ ID No. 616: 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC  
SEQ ID No. 617: 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC  
SEQ ID No. 618: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT  
SEQ ID No. 619: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTC  
SEQ ID No. 620: 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG  
SEQ ID No. 621: 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC  
SEQ ID No. 622: 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA  
SEQ ID No. 623: 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC  
SEQ ID No. 624: 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA  
SEQ ID No. 625: 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT  
SEQ ID No. 626: 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC  
SEQ ID No. 627: 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG  
SEQ ID No. 628: 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG  
SEQ ID No. 629: 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG  
SEQ ID No. 630: 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC  
SEQ ID No. 631: 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA  
SEQ ID No. 632: 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG  
SEQ ID No. 633: 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG  
SEQ ID No. 634: 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT  
SEQ ID No. 635: 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG

SEQ ID No. 636: 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC  
SEQ ID No. 637: 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT  
SEQ ID No. 638: 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT  
SEQ ID No. 639: 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT  
SEQ ID No. 640: 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT  
SEQ ID No. 641: 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG  
SEQ ID No. 642: 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG  
SEQ ID No. 643: 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG  
SEQ ID No. 644: 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC  
SEQ ID No. 645: 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC  
SEQ ID No. 646: 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA  
SEQ ID No. 647: 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA  
SEQ ID No. 648: 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT  
SEQ ID No. 649: 5'- AGTTATCCCCCACCCTATGGA  
SEQ ID No. 650: 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT  
SEQ ID No. 651: 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC  
SEQ ID No. 652: 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT  
SEQ ID No. 653: 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG  
SEQ ID No. 654: 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG  
SEQ ID No. 655: 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT  
SEQ ID No. 656: 5'- TTCGTGCGACTTGTCATGTGT  
SEQ ID No. 657: 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG  
SEQ ID No. 658: 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG  
SEQ ID No. 659: 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT  
SEQ ID No. 660: 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT  
SEQ ID No. 661: 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT  
SEQ ID No. 662: 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG  
SEQ ID No. 663: 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC

SEQ ID No. 664: 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC  
SEQ ID No. 665: 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG  
SEQ ID No. 666: 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA  
SEQ ID No. 667: 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA  
SEQ ID No. 668: 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC  
SEQ ID No. 669: 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA  
SEQ ID No. 670: 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG  
SEQ ID No. 671: 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC  
SEQ ID No. 672: 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA  
SEQ ID No. 673: 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT  
SEQ ID No. 674: 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT  
SEQ ID No. 675: 5'- AACCTCTCTCACACTCTAG  
SEQ ID No. 676: 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC  
SEQ ID No. 677: 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC  
SEQ ID No. 678: 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA  
SEQ ID No. 679: 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT  
SEQ ID No. 680: 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG  
SEQ ID No. 681: 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG  
SEQ ID No. 682: 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT  
SEQ ID No. 683: 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC  
SEQ ID No. 684: 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT  
SEQ ID No. 685: 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC  
SEQ ID No. 686: 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA  
SEQ ID No. 687: 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT  
SEQ ID No. 688: 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG  
SEQ ID No. 689: 5'- GGTTGCTCACCGGCTTAAG  
SEQ ID No. 690: 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC  
SEQ ID No. 691: 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT

SEQ ID No. 692: 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC  
SEQ ID No. 693: 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC  
SEQ ID No. 694: 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC  
SEQ ID No. 695: 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC  
SEQ ID No. 696: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT  
SEQ ID No. 697: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTC  
SEQ ID No. 698: 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG  
SEQ ID No. 699: 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC  
SEQ ID No. 700: 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA  
SEQ ID No. 701: 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC  
SEQ ID No. 702: 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA  
SEQ ID No. 703: 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT  
SEQ ID No. 704: 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC  
SEQ ID No. 705: 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG  
SEQ ID No. 706: 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG  
SEQ ID No. 707: 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG  
SEQ ID No. 708: 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC  
SEQ ID No. 709: 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA  
SEQ ID No. 710: 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG  
SEQ ID No. 711: 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG  
SEQ ID No. 712: 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT  
SEQ ID No. 713: 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG  
SEQ ID No. 714: 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC  
SEQ ID No. 715: 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT  
SEQ ID No. 716: 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT  
SEQ ID No. 717: 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT  
SEQ ID No. 718: 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT  
SEQ ID No. 719: 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG

SEQ ID No. 720: 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG  
SEQ ID No. 721: 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG  
SEQ ID No. 722: 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC  
SEQ ID No. 723: 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC  
SEQ ID No. 724: 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA  
SEQ ID No. 725: 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA  
SEQ ID No. 726: 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT  
SEQ ID No. 727: 5'- AGTTATCCCCCACCCTATGGA  
SEQ ID No. 728: 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT  
SEQ ID No. 729: 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC  
SEQ ID No. 730: 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT  
SEQ ID No. 731: 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG  
SEQ ID No. 732: 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG  
SEQ ID No. 733: 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT  
SEQ ID No. 734: 5'- TTCGTGCGACTTGTCATGTGT  
SEQ ID No. 735: 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG  
SEQ ID No. 736: 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG  
SEQ ID No. 737: 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT  
SEQ ID No. 738: 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT  
SEQ ID No. 739: 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT  
SEQ ID No. 740: 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG  
SEQ ID No. 741: 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC  
SEQ ID No. 742: 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC  
SEQ ID No. 743: 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG  
SEQ ID No. 744: 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC  
SEQ ID No. 745: 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA  
SEQ ID No. 746: 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT  
SEQ ID No. 747: 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT

SEQ ID No. 748: 5'- AACCCCTCTCTCACACTCTAG  
SEQ ID No. 749: 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC  
SEQ ID No. 750: 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC  
SEQ ID No. 751: 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA  
SEQ ID No. 752: 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT  
SEQ ID No. 753: 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG  
SEQ ID No. 754: 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG  
SEQ ID No. 755: 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT  
SEQ ID No. 756: 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC  
SEQ ID No. 757: 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT  
SEQ ID No. 758: 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC  
SEQ ID No. 759: 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA  
SEQ ID No. 760: 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT  
SEQ ID No. 761: 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG  
SEQ ID No. 762: 5'- GGTTCGCTCACCGGCTTAAG  
SEQ ID No. 763: 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC  
SEQ ID No. 764: 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT  
SEQ ID No. 765: 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC  
SEQ ID No. 766: 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC  
SEQ ID No. 767: 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC  
SEQ ID No. 768: 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC  
SEQ ID No. 769: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT  
SEQ ID No. 770: 5'- GGGAATTCCACAACCCTCTC  
SEQ ID No. 771: 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG  
SEQ ID No. 772: 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC  
SEQ ID No. 773: 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA  
SEQ ID No. 774: 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC  
SEQ ID No. 775: 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA

SEQ ID No. 776: 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT  
SEQ ID No. 777: 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC  
SEQ ID No. 778: 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG  
SEQ ID No. 779: 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG  
SEQ ID No. 780: 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG  
SEQ ID No. 781: 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC  
SEQ ID No. 782: 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA  
SEQ ID No. 783: 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG  
SEQ ID No. 784: 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG  
SEQ ID No. 785: 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT  
SEQ ID No. 786: 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG  
SEQ ID No. 787: 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC  
SEQ ID No. 788: 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT  
SEQ ID No. 789: 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT  
SEQ ID No. 790: 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT  
SEQ ID No. 791: 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT  
SEQ ID No. 792: 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG  
SEQ ID No. 793: 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG  
SEQ ID No. 794: 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG  
SEQ ID No. 795: 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC  
SEQ ID No. 796: 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC  
SEQ ID No. 797: 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA  
SEQ ID No. 798: 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA  
SEQ ID No. 799: 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT  
SEQ ID No. 800: 5'- AGTTATCCCCCACCCATGGA  
SEQ ID No. 801: 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT  
SEQ ID No. 802: 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC  
SEQ ID No. 803: 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT

SEQ ID No. 804: 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG  
SEQ ID No. 805: 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG  
SEQ ID No. 806: 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT  
SEQ ID No. 807: 5'- TTCGTGCGACTTGCATGTGT  
SEQ ID No. 808: 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG  
SEQ ID No. 809: 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG  
SEQ ID No. 810: 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT  
SEQ ID No. 811: 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT  
SEQ ID No. 812: 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT  
SEQ ID No. 813: 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG  
SEQ ID No. 814: 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC  
SEQ ID No. 815: 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC  
SEQ ID No. 816: 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG

Die Sequenzen SEQ ID No. 583 bis SEQ ID No. 816 sind vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von Bakterien der Gattungen Acetobacter, Gluconobacter und Gluconoacetobacter geeignet.

e) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Bazillen nachweisen:

SEQ ID No. 817: 5'- AGCCCCGGTTTCCCGGCGTT  
SEQ ID No. 818: 5'- CGCCTTTCCTTTTTCCTCCA  
SEQ ID No. 819: 5'- GCCCCGGTTTCCCGGCGTTA  
SEQ ID No. 820: 5'- GCCGCCTTTCCTTTTTCCTC  
SEQ ID No. 821: 5'- TAGCCCCGGTTTCCCGGCGT  
SEQ ID No. 822: 5'- CCGGGTACCGTCAAGGCGCC  
SEQ ID No. 823: 5'- AAGCCGCCTTTCCTTTTTC  
SEQ ID No. 824: 5'- CCCCGGTTTCCCGGCGTTAT



SEQ ID No. 825: 5'- CCGGCGTTATCCCAGTCTTA  
SEQ ID No. 826: 5'- AGCCGCCTTTCCTTTTTCCT  
SEQ ID No. 827: 5'- CCGCCTTTCCTTTTTCCTCC  
SEQ ID No. 828: 5'- TTAGCCCCGGTTTCCC GGCG  
SEQ ID No. 829: 5'- CCCGGCGTTATCCCAGTCTT  
SEQ ID No. 830: 5'- GCCGGGTACCGTCAAGGCGC  
SEQ ID No. 831: 5'- GGCCGGGTACCGTCAAGGCG  
SEQ ID No. 832: 5'- TCCCGGCGTTATCCCAGTCT  
SEQ ID No. 833: 5'- TGGCCGGGTACCGTCAAGGC  
SEQ ID No. 834: 5'- GAAGCCGCCTTTCCTTTTTC  
SEQ ID No. 835: 5'- CCCGGTTTCCCGGCGTTATC  
SEQ ID No. 836: 5'- CGGCGTTATCCCAGTCTTAC  
SEQ ID No. 837: 5'- GGC GTTATCCCAGTCTTACA  
SEQ ID No. 838: 5'- GCGTTATCCCAGTCTTACAG  
SEQ ID No. 839: 5'- CGGGTACCGTCAAGGCGCCG  
SEQ ID No. 840: 5'- ATTAGCCCCGGTTTCCC GGCG  
SEQ ID No. 841: 5'- AAGGGGAAGGCCCTGTCTCC  
SEQ ID No. 842: 5'- GGCCCTGTCTCCAGGGAGGT  
SEQ ID No. 843: 5'- AGGCCCTGTCTCCAGGGAGG  
SEQ ID No. 844: 5'- AAGGCCCTGTCTCCAGGGAG  
SEQ ID No. 845: 5'- GCCCTGTCTCCAGGGAGGTC  
SEQ ID No. 846: 5'- CGTTATCCCAGTCTTACAGG  
SEQ ID No. 847: 5'- GGGTACCGTCAAGGCGCCGC  
SEQ ID No. 848: 5'- CGGCAACAGAGTTTACGAC  
SEQ ID No. 849: 5'- GGGGAAGGCCCTGTCTCCAG  
SEQ ID No. 850: 5'- AGGGGAAGGCCCTGTCTCCA  
SEQ ID No. 851: 5'- GCAGCCGAAGCCGCCTTTC  
SEQ ID No. 852: 5'- TTCTTCCCCGGCAACAGAGT

SEQ ID No. 853: 5'- CGGCACTTGTTCTTCCCCGG  
SEQ ID No. 854: 5'- GTTCTTCCCCGGCAACAGAG  
SEQ ID No. 855: 5'- GGCACTTGTTCTTCCCCGGC  
SEQ ID No. 856: 5'- GCACTTGTTCTTCCCCGGCA  
SEQ ID No. 857: 5'- CACTTGTTCTTCCCCGGCAA  
SEQ ID No. 858: 5'- TCTTCCCCGGCAACAGAGTT  
SEQ ID No. 859: 5'- TTGTTCTTCCCCGGCAACAG  
SEQ ID No. 860: 5'- ACTTGTTCTTCCCCGGCAAC  
SEQ ID No. 861: 5'- TGTTCTTCCCCGGCAACAGA  
SEQ ID No. 862: 5'- CTTGTTCTTCCCCGGCAACA  
SEQ ID No. 863: 5'- ACGGCACTTGTTCTTCCCCG  
SEQ ID No. 864: 5'- GTCCGCCGCTAACCTTTTAA  
SEQ ID No. 865: 5'- CTGGCCGGGTACCGTCAAGG  
SEQ ID No. 866: 5'- TCTGGCCGGGTACCGTCAAG  
SEQ ID No. 867: 5'- TTCTGGCCGGGTACCGTCAA  
SEQ ID No. 868: 5'- CAATGCTGGCAACTAAGGTC  
SEQ ID No. 869: 5'- CGTCCGCCGCTAACCTTTTA  
SEQ ID No. 870: 5'- CGAAGCCGCCTTTCCTTTTT  
SEQ ID No. 871: 5'- CCGAAGCCGCCTTTCCTTTTT  
SEQ ID No. 872: 5'- GCCGAAGCCGCCTTTCCTTT  
SEQ ID No. 873: 5'- AGCCGAAGCCGCCTTTCCTT  
SEQ ID No. 874: 5'- ACCGTCAAGGCGCCGCCCTG  
SEQ ID No. 875: 5'- CCGTGGCTTTCTGGCCGGGT  
SEQ ID No. 876: 5'- GCTTTCTGGCCGGGTACCGT  
SEQ ID No. 877: 5'- GCCGTGGCTTTCTGGCCGGG  
SEQ ID No. 878: 5'- GGCTTTCTGGCCGGGTACCG  
SEQ ID No. 879: 5'- CTTTCTGGCCGGGTACCGTC  
SEQ ID No. 880: 5'- TGGCTTTCTGGCCGGGTACC

SEQ ID No. 881: 5'- GTGGCTTTCTGGCCGGGTAC  
SEQ ID No. 882: 5'- CGTGGCTTTCTGGCCGGGTA  
SEQ ID No. 883: 5'- TTTCTGGCCGGGTACCGTCA  
SEQ ID No. 884: 5'- GGGAAGGCCCTGTCTCCAGG  
SEQ ID No. 885: 5'- CGAAGGGGAAGGCCCTGTCT  
SEQ ID No. 886: 5'- CCGAAGGGGAAGGCCCTGTC  
SEQ ID No. 887: 5'- GAAGGGGAAGGCCCTGTCTC  
SEQ ID No. 888: 5'- GGCGCCGCCCTGTTCGAACG  
SEQ ID No. 889: 5'- AGGCGCCGCCCTGTTCGAAC  
SEQ ID No. 890: 5'- AAGGCGCCGCCCTGTTCGAA  
SEQ ID No. 891: 5'- CCCGGCAACAGAGTTTTACG  
SEQ ID No. 892: 5'- CCCC GGCAACAGAGTTTTAC  
SEQ ID No. 893: 5'- CCATCTGTAAGTGGCAGCCG  
SEQ ID No. 894: 5'- TCTGTAAGTGGCAGCCGAAG  
SEQ ID No. 895: 5'- CTGTAAGTGGCAGCCGAAGC  
SEQ ID No. 896: 5'- CCCATCTGTAAGTGGCAGCC  
SEQ ID No. 897: 5'- TGTAAGTGGCAGCCGAAGCC  
SEQ ID No. 898: 5'- CATCTGTAAGTGGCAGCCGA  
SEQ ID No. 899: 5'- ATCTGTAAGTGGCAGCCGAA  
SEQ ID No. 900: 5'- CAGCCGAAGCCGCCTTTCCT  
SEQ ID No. 901: 5'- GGCAACAGAGTTTTACGACC  
SEQ ID No. 902: 5'- CCGGCAACAGAGTTTTACGA  
SEQ ID No. 903: 5'- TTCCCCGGCAACAGAGTTTT  
SEQ ID No. 904: 5'- CTTCCCCGGCAACAGAGTTT  
SEQ ID No. 905: 5'- TCCCCGGCAACAGAGTTTA  
SEQ ID No. 906: 5'- CCGTCCGCCGCTAACCTTTT

Die Sequenzen SEQ ID No. 817 bis SEQ ID No. 906 sind vor allem zum Nachweis von *Bacillus coagulans* geeignet.

f) Nukleinsäuresondenmoleküle, die spezifisch getränkeschädliche Alicyclobazillen nachweisen:

SEQ ID No. 907: 5'- CTCCTCCGACTTACGCCGG  
SEQ ID No. 908: 5'- CCTCCGACTTACGCCGGCAG  
SEQ ID No. 909: 5'- TTCCTCCGACTTACGCCGGC  
SEQ ID No. 910: 5'- TCCTCCGACTTACGCCGGCA  
SEQ ID No. 911: 5'- TCCGACTTACGCCGGCAGTC  
SEQ ID No. 912: 5'- CCGACTTACGCCGGCAGTCA  
SEQ ID No. 913: 5'- GCCTTCCTCCGACTTACGCC  
SEQ ID No. 914: 5'- CCTTCCTCCGACTTACGCCG  
SEQ ID No. 915: 5'- GCTCTCCCCGAGCAACAGAG  
SEQ ID No. 916: 5'- CTCTCCCCGAGCAACAGAGC  
SEQ ID No. 917: 5'- CGCTCTCCCCGAGCAACAGA  
SEQ ID No. 918: 5'- CTCCGACTTACGCCGGCAGT  
SEQ ID No. 919: 5'- TCTCCCCGAGCAACAGAGCT  
SEQ ID No. 920: 5'- CGACTTACGCCGGCAGTCAC  
SEQ ID No. 921: 5'- TCGGCACTGGGGTGTGTCCC  
SEQ ID No. 922: 5'- GGCACTGGGGTGTGTCCCCC  
SEQ ID No. 923: 5'- CTGGGGTGTGTCCCCCAAC  
SEQ ID No. 924: 5'- CACTGGGGTGTGTCCCCCA  
SEQ ID No. 925: 5'- ACTGGGGTGTGTCCCCCAA  
SEQ ID No. 926: 5'- GCACTGGGGTGTGTCCCCC  
SEQ ID No. 927: 5'- TGGGGTGTGTCCCCCAACA  
SEQ ID No. 928: 5'- CACTCCAGACTTGCTCGACC

SEQ ID No. 929: 5'- TCACTCCAGACTTGCTCGAC  
SEQ ID No. 930: 5'- CGGCACTGGGGTGTGTCCCC  
SEQ ID No. 931: 5'- CGCCTTCCTCCGACTTACGC  
SEQ ID No. 932: 5'- CTCCCCGAGCAACAGAGCTT  
SEQ ID No. 933: 5'- ACTCCAGACTTGCTCGACCG  
SEQ ID No. 934: 5'- CCCATGCCGCTCTCCCCGAG  
SEQ ID No. 935: 5'- CCATGCCGCTCTCCCCGAGC  
SEQ ID No. 936: 5'- CCCCATGCCGCTCTCCCCGA  
SEQ ID No. 937: 5'- TCACTCGGTACCGTCTCGCA  
SEQ ID No. 938: 5'- CATGCCGCTCTCCCCGAGCA  
SEQ ID No. 939: 5'- ATGCCGCTCTCCCCGAGCAA  
SEQ ID No. 940: 5'- TTCGGCACTGGGGTGTGTCC  
SEQ ID No. 941: 5'- TGCCGCTCTCCCCGAGCAAC  
SEQ ID No. 942: 5'- TTCACTCCAGACTTGCTCGA  
SEQ ID No. 943: 5'- CCCGCAAGAAGATGCCTCCT  
SEQ ID No. 944: 5'- AGAAGATGCCTCCTCGCGGG  
SEQ ID No. 945: 5'- AAGAAGATGCCTCCTCGCGG  
SEQ ID No. 946: 5'- CGCAAGAAGATGCCTCCTCG  
SEQ ID No. 947: 5'- AAGATGCCTCCTCGCGGGCG  
SEQ ID No. 948: 5'- CCGCAAGAAGATGCCTCCTC  
SEQ ID No. 949: 5'- GAAGATGCCTCCTCGCGGGC  
SEQ ID No. 950: 5'- CCCCAGCAAGAAGATGCCTCC  
SEQ ID No. 951: 5'- CAAGAAGATGCCTCCTCGCG  
SEQ ID No. 952: 5'- TCCTTCGGCACTGGGGTGTG  
SEQ ID No. 953: 5'- CCGCTCTCCCCGAGCAACAG  
SEQ ID No. 954: 5'- TGCCTCCTCGCGGGCGTATC  
SEQ ID No. 955: 5'- GACTTACGCCGGCAGTCACC  
SEQ ID No. 956: 5'- GGCTCCTCTCTCAGCGGCCC

SEQ ID No. 957: 5'- CCTTCGGCACTGGGGTGTGT  
SEQ ID No. 958: 5'- GGGGTGTGTCCCCCAACAC  
SEQ ID No. 959: 5'- GCCGCTCTCCCCGAGCAACA  
SEQ ID No. 960: 5'- AGATGCCTCCTCGCGGGCGT  
SEQ ID No. 961: 5'- CACTCGGTACCGTCTCGCAT  
SEQ ID No. 962: 5'- CTCACTCGGTACCGTCTCGC  
SEQ ID No. 963: 5'- GCAAGAAGATGCCTCCTCGC  
SEQ ID No. 964: 5'- CTCCAGACTTGCTCGACCGC  
SEQ ID No. 965: 5'- TTACGCCGGCAGTCACCTGT  
SEQ ID No. 966: 5'- CTTCGGCACTGGGGTGTGTC  
SEQ ID No. 967: 5'- CTCGCGGGCGTATCCGGCAT  
SEQ ID No. 968: 5'- GCCTCCTCGCGGGCGTATCC  
SEQ ID No. 969: 5'- ACTCGGTACCGTCTCGCATG  
SEQ ID No. 970: 5'- GATGCCTCCTCGCGGGCGTA  
SEQ ID No. 971: 5'- GGGTGTGTCCCCCAACACC  
SEQ ID No. 972: 5'- ACTTACGCCGGCAGTCACCT  
SEQ ID No. 973: 5'- CTTACGCCGGCAGTCACCTG  
SEQ ID No. 974: 5'- ATGCCTCCTCGCGGGCGTAT  
SEQ ID No. 975: 5'- GCGCCGCGGGCTCCTCTCTC  
SEQ ID No. 976: 5'- GGTGTGTCCCCCAACACCT  
SEQ ID No. 977: 5'- GTGTGTCCCCCAACACCTA  
SEQ ID No. 978: 5'- CCTCGCGGGCGTATCCGGCA  
SEQ ID No. 979: 5'- CCTCACTCGGTACCGTCTCG  
SEQ ID No. 980: 5'- TCCTCACTCGGTACCGTCTC  
SEQ ID No. 981: 5'- TCGCGGGCGTATCCGGCATT  
SEQ ID No. 982: 5'- TTCACTCCAGACTTGCTCG  
SEQ ID No. 983: 5'- TACGCCGGCAGTCACCTGTG  
SEQ ID No. 984: 5'- TCCAGACTTGCTCGACCGCC

SEQ ID No. 985: 5'- CTCGGTACCGTCTCGCATGG  
SEQ ID No. 986: 5'- CGCGGGCGTATCCGGCATT  
SEQ ID No. 987: 5'- GCGTATCCGGCATTAGCGCC  
SEQ ID No. 988: 5'- GGGCTCCTCTCTCAGCGGCC  
SEQ ID No. 989: 5'- TCCCCGAGCAACAGAGCTTT  
SEQ ID No. 990: 5'- CCCCCGAGCAACAGAGCTTTA  
SEQ ID No. 991: 5'- CCGAGCAACAGAGCTTTACA  
SEQ ID No. 992: 5'- CCATCCCATGGTTGAGCCAT  
SEQ ID No. 993: 5'- GTGTCCCCCAACACCTAGC  
SEQ ID No. 994: 5'- GCGGGCGTATCCGGCATTAG  
SEQ ID No. 995: 5'- CGAGCGGCTTTTTGGGTTTC  
SEQ ID No. 996: 5'- CTTTCACTCCAGACTTGCTC  
SEQ ID No. 997: 5'- TTCCTTCGGCACTGGGGTGT  
SEQ ID No. 998: 5'- CCGCCTTCCTCCGACTTACG  
SEQ ID No. 999: 5'- CCCGCCTTCCTCCGACTTAC  
SEQ ID No. 1000: 5'- CCTCCTCGCGGGCGTATCCG  
SEQ ID No. 1001: 5'- TCCTCGCGGGCGTATCCGGC  
SEQ ID No. 1002: 5'- CATTAGCGCCCGTTTCCGGG  
SEQ ID No. 1003: 5'- GCATTAGCGCCCGTTTCCGG  
SEQ ID No. 1004: 5'- GGCATTAGCGCCCGTTTCCG  
SEQ ID No. 1005: 5'- GTCTCGCATGGGGCTTTCCA  
SEQ ID No. 1006: 5'- GCCATGGACTTTCACTCCAG  
SEQ ID No. 1007: 5'- CATGGACTTTCACTCCAGAC

Die Sequenzen SEQ ID No. 907 bis SEQ ID No. 1007 sind vor allem zum Nachweis von Bakterien der Gattung *Alicyclobacillus* geeignet.

SEQ ID No. 1008: 5'- CCTTCCTCCGGCTTACGCCGGC  
SEQ ID No. 1009: 5'- CCTTCCTCCGACTTGCGCCGGC  
SEQ ID No. 1010: 5'- CCTTCCTCCGACTTTCACCGGC

Die Nukleinsäuresondenmoleküle gemäß SEQ ID No. 1008 bis SEQ ID No. 1010 werden als unmarkierte Kompetitorsonden für den Nachweis von *Alicyclobacillus ssp.* gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 907 eingesetzt, um das Binden der markierten, für *Alicyclobacillus ssp.* spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für *Alicyclobacillus ssp.* sind, zu verhindern.

SEQ ID No. 1011: 5'- ACCGTCTCACAAGGAGCTTT  
SEQ ID No. 1012: 5'- TACCGTCTCACAAGGAGCTT  
SEQ ID No. 1013: 5'- GTACCGTCTCACAAGGAGCT  
SEQ ID No. 1014: 5'- GCCTACCCGTGTATTATCCG  
SEQ ID No. 1015: 5'- CCGTCTCACAAGGAGCTTTC  
SEQ ID No. 1016: 5'- CTACCCGTGTATTATCCGGC  
SEQ ID No. 1017: 5'- GGTACCGTCTCACAAGGAGC  
SEQ ID No. 1018: 5'- CGTCTCACAAGGAGCTTTCC  
SEQ ID No. 1019: 5'- TCTCACAAGGAGCTTTCCAC  
SEQ ID No. 1020: 5'- TACCCGTGTATTATCCGGCA  
SEQ ID No. 1021: 5'- GTCTCACAAGGAGCTTTCCA  
SEQ ID No. 1022: 5'- ACCCGTGTATTATCCGGCAT  
SEQ ID No. 1023: 5'- CTCGGTACCGTCTCACAAGG  
SEQ ID No. 1024: 5'- CGGTACCGTCTCACAAGGAG  
SEQ ID No. 1025: 5'- ACTCGGTACCGTCTCACAAG  
SEQ ID No. 1026: 5'- CGGCTGGCTCCATAACGGTT  
SEQ ID No. 1027: 5'- ACAAGTAGATGCCTACCCGT  
SEQ ID No. 1028: 5'- TGGCTCCATAACGGTTACCT



SEQ ID No. 1029: 5'- CAAGTAGATGCCTACCCGTG  
SEQ ID No. 1030: 5'- CACAAGTAGATGCCTACCCG  
SEQ ID No. 1031: 5'- GGCTCCATAACGGTTACCTC  
SEQ ID No. 1032: 5'- ACACAAGTAGATGCCTACCC  
SEQ ID No. 1033: 5'- CTGGCTCCATAACGGTTACC  
SEQ ID No. 1034: 5'- GCTGGCTCCATAACGGTTAC  
SEQ ID No. 1035: 5'- GGCTGGCTCCATAACGGTTA  
SEQ ID No. 1036: 5'- GCTCCATAACGGTTACCTCA  
SEQ ID No. 1037: 5'- AAGTAGATGCCTACCCGTGT  
SEQ ID No. 1038: 5'- CTCCATAACGGTTACCTCAC  
SEQ ID No. 1039: 5'- TGCCTACCCGTGTATTATCC  
SEQ ID No. 1040: 5'- TCGGTACCGTCTCACAAGGA  
SEQ ID No. 1041: 5'- CTCACAAGGAGCTTTCCACT  
SEQ ID No. 1042: 5'- GTAGATGCCTACCCGTGTAT  
SEQ ID No. 1043: 5'- CCTACCCGTGTATTATCCGG  
SEQ ID No. 1044: 5'- CACTCGGTACCGTCTCACAA  
SEQ ID No. 1045: 5'- CTCAGCGATGCAGTTGCATC  
SEQ ID No. 1046: 5'- AGTAGATGCCTACCCGTGTA  
SEQ ID No. 1047: 5'- GCGGCTGGCTCCATAACGGT  
SEQ ID No. 1048: 5'- CCAAAGCAATCCCAAGGTTG  
SEQ ID No. 1049: 5'- TCCATAACGGTTACCTCACC  
SEQ ID No. 1050: 5'- CCCGTGTATTATCCGGCATT  
SEQ ID No. 1051: 5'- TCTCAGCGATGCAGTTGCAT  
SEQ ID No. 1052: 5'- CCATAACGGTTACCTCACCG  
SEQ ID No. 1053: 5'- TCAGCGATGCAGTTGCATCT  
SEQ ID No. 1054: 5'- GGCGGCTGGCTCCATAACGG  
SEQ ID No. 1055: 5'- AAGCAATCCCAAGGTTGAGC  
SEQ ID No. 1056: 5'- TCACTCGGTACCGTCTCACA

SEQ ID No. 1057: 5'- CCGAGTGTTATTCCAGTCTG  
SEQ ID No. 1058: 5'- CACAAGGAGCTTTCCACTCT  
SEQ ID No. 1059: 5'- ACAAGGAGCTTTCCACTCTC  
SEQ ID No. 1060: 5'- TCACAAGGAGCTTTCCACTC  
SEQ ID No. 1061: 5'- CAGCGATGCAGTTGCATCTT  
SEQ ID No. 1062: 5'- CAAGGAGCTTTCCACTCTCC  
SEQ ID No. 1063: 5'- CCAGTCTGAAAGGCAGATTG  
SEQ ID No. 1064: 5'- CAGTCTGAAAGGCAGATTGC  
SEQ ID No. 1065: 5'- CGGCGGCTGGCTCCATAACG  
SEQ ID No. 1066: 5'- CCTCTCTCAGCGATGCAGTT  
SEQ ID No. 1067: 5'- CTCTCTCAGCGATGCAGTTG  
SEQ ID No. 1068: 5'- TCTCTCAGCGATGCAGTTGC  
SEQ ID No. 1069: 5'- CTCTCAGCGATGCAGTTGCA  
SEQ ID No. 1070: 5'- CAATCCCAAGGTTGAGCCTT  
SEQ ID No. 1071: 5'- AATCCCAAGGTTGAGCCTTG  
SEQ ID No. 1072: 5'- AGCAATCCCAAGGTTGAGCC  
SEQ ID No. 1073: 5'- CTCACTCGGTACCGTCTCAC  
SEQ ID No. 1074: 5'- GCAATCCCAAGGTTGAGCCT  
SEQ ID No. 1075: 5'- GCCTTGGACTTTCACTTCAG  
SEQ ID No. 1076: 5'- CATAACGGTTACCTCACCGA  
SEQ ID No. 1077: 5'- CTCCTCTCTCAGCGATGCAG  
SEQ ID No. 1078: 5'- TCGGCGGCTGGCTCCATAAC  
SEQ ID No. 1079: 5'- AGTCTGAAAGGCAGATTGCC  
SEQ ID No. 1080: 5'- TCCTCTCTCAGCGATGCAGT  
SEQ ID No. 1081: 5'- CCCAAGGTTGAGCCTTGGAC  
SEQ ID No. 1082: 5'- ATAACGGTTACCTCACCGAC  
SEQ ID No. 1083: 5'- TCCCAAGGTTGAGCCTTGGA  
SEQ ID No. 1084: 5'- ATTATCCGGCATTAGCACCC

SEQ ID No. 1085: 5'- CTACGTGCTGGTAACACAGA  
SEQ ID No. 1086: 5'- GCCGCTAGCCCCGAAGGGCT  
SEQ ID No. 1087: 5'- CTAGCCCCGAAGGGCTCGCT  
SEQ ID No. 1088: 5'- CGCTAGCCCCGAAGGGCTCG  
SEQ ID No. 1089: 5'- AGCCCCGAAGGGCTCGCTCG  
SEQ ID No. 1090: 5'- CCGCTAGCCCCGAAGGGCTC  
SEQ ID No. 1091: 5'- TAGCCCCGAAGGGCTCGCTC  
SEQ ID No. 1092: 5'- GCTAGCCCCGAAGGGCTCGC  
SEQ ID No. 1093: 5'- GCCCCGAAGGGCTCGCTCGA  
SEQ ID No. 1094: 5'- ATCCCAAGGTTGAGCCTTGG  
SEQ ID No. 1095: 5'- GAGCCTTGGACTTTCACTTC  
SEQ ID No. 1096: 5'- CAAGGTTGAGCCTTGGACTT  
SEQ ID No. 1097: 5'- GAGCTTTCCACTCTCCTTGT  
SEQ ID No. 1098: 5'- CCAAGGTTGAGCCTTGGACT  
SEQ ID No. 1099: 5'- CGGGCTCCTCTCTCAGCGAT  
SEQ ID No. 1100: 5'- GGAGCTTTCCACTCTCCTTG  
SEQ ID No. 1101: 5'- GGGCTCCTCTCTCAGCGATG  
SEQ ID No. 1102: 5'- TCTCCTTGTCGCTCTCCCCG  
SEQ ID No. 1103: 5'- TCCTTGTCGCTCTCCCCGAG  
SEQ ID No. 1104: 5'- AGCTTTCCACTCTCCTTGTC  
SEQ ID No. 1105: 5'- CCACTCTCCTTGTCGCTCTC  
SEQ ID No. 1106: 5'- GGCTCCTCTCTCAGCGATGC  
SEQ ID No. 1107: 5'- CCTTGTCGCTCTCCCCGAGC  
SEQ ID No. 1108: 5'- CACTCTCCTTGTCGCTCTCC  
SEQ ID No. 1109: 5'- ACTCTCCTTGTCGCTCTCCC  
SEQ ID No. 1110: 5'- CTCTCCTTGTCGCTCTCCCC  
SEQ ID No. 1111: 5'- GCGGGCTCCTCTCTCAGCGA  
SEQ ID No. 1112: 5'- GGCTCCATCATGGTTACCTC

Die Sequenzen SEQ ID No. 1011 bis SEQ ID No. 1112 sind vor allem zum Nachweis von *Alicyclobacillus acidoterrestris* geeignet.

SEQ ID No. 1113: 5'- CCGTCTCCTAAGGAGCTTTCCA

Das Nukleinsäuresondenmolekül gemäß SEQ ID No. 1113 wird als unmarkierte Kompetitorsonde für den Nachweis von *Alicyclobacillus acidoterrestris* gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 1018 eingesetzt, um das Binden der markierten, für *Alicyclobacillus acidoterrestris* spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für *Alicyclobacillus acidoterrestris* sind, zu verhindern.

SEQ ID No. 1114: 5'- TCCCTCCTTAACGGTTACCTCA

SEQ ID No. 1115: 5'- TGGCTCCATAA(A/T)GGTTACCTCA

Die Nukleinsäuresondenmoleküle gemäß SEQ ID No. 1114 bis SEQ ID No. 1115 werden als unmarkierte Kompetitorsonden für den Nachweis von *Alicyclobacillus acidoterrestris* gemeinsam mit der Oligonukleotidsonde gemäß SEQ ID No. 1031 eingesetzt, um das Binden der markierten, für *Alicyclobacillus acidoterrestris* spezifischen Oligonukleotidsonde an Nukleinsäuresequenzen, die nicht spezifisch für *Alicyclobacillus acidoterrestris* sind, zu verhindern.

SEQ ID No. 1116: 5'- CTTCTCCGGCTTGCGCCGG

SEQ ID No. 1117: 5'- CGCTCTTCCCGA(G/T)TGACTGA

SEQ ID No. 1118: 5'- CCTCGGGCTCCTCCATC(A/T)GC

Die Sequenzen SEQ ID No. 1116 bis SEQ ID No. 1118 sind vor allem zum gleichzeitigen Nachweis von *Alicyclobacillus cycloheptanicus* und *A. herbarius* geeignet.

Gegenstand der Erfindung sind auch Abwandlungen der obigen Oligonukleotidsequenzen, die trotz der Abweichungen in der Sequenz und/oder Länge eine spezifische Hybridisierung mit Ziel-Nukleinsäuresequenzen des jeweiligen Mikroorganismus zeigen und sich dadurch für den Einsatz des erfindungsgemäßen Verfahrens eignen und einen spezifischen Nachweis des jeweiligen Mikroorganismus gewährleisten. Hierunter fallen insbesondere

- a) Nukleinsäuremoleküle, die (i) mit einer der obigen Oligonukleotidsequenzen (SEQ ID No. 1 bis 1007, 1011 bis 1112, 1116 bis 1118) in mindestens 80 %, bevorzugt in mindestens 90 % und besonders bevorzugt in mindestens 92 %, 94 %, 96 % der Basen übereinstimmen, oder die (ii) sich von obigen Oligonukleotidsequenzen durch eine oder mehrere Deletionen und/oder Additionen unterscheiden und eine spezifische Hybridisierung mit Nukleinsäuresequenzen von getränkeschädlichen Hefen der Gattungen *Zygosaccharomyces*, *Hanseniaspora*, *Candida*, *Saccharomyces* und *Saccharomyces*, insbesondere der Spezies *Zygosaccharomyces bailii*, *Z. mellis*, *Z. rouxii*, *Z. bisporus*, *Hanseniaspora uvarum*, *Candida intermedia*, *Saccharomyces exiguus*, *Saccharomyces ludwigii* oder von getränkeschädlichen Schimmelpilzen der Gattungen *Mucor*, *Byssoschlamys*, *Neosartorya*, *Aspergillus* und *Talaromyces*, insbesondere der Spezies *Mucor racemosus*, *Byssoschlamys nivea*, *Neosartorya fischeri*, *Aspergillus fumigatus* und *A. fischeri*, *Talaromyces flavus*, *T. bacillisporus* und *T. flavus* oder von getränkeschädlichen Bakterien der Gattungen *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Weissella*, *Lactococcus*, *Acetobacter*, *Gluconobacter*, *Gluconoacetobacter*, *Bacillus* und *Alicyclobacillus*, insbesondere der Spezies *Lactobacillus collinoides*, *Leuconostoc mesenteroides*, *L. pseudomesenteroides*, *Oenococcus oenos*, *Bacillus coagulans*, *Alicyclobacillus ssp.*, *A. acidoterrestris*, *A. cycloheptanicus* und *A. herbarius* ermöglichen. Dabei bedeutet „spezifische Hybridisierung“, dass unter den hier beschriebenen oder dem Durchschnittsfachmann im Zusammenhang mit in situ-Hybridisierungstechniken bekannten stringenten

Hybridisierungsbedingungen nur die ribosomale RNA der Ziel-Organismen, nicht aber die rRNA von Nicht-Ziel-Organismen an das Oligonukleotid bindet.

- b) Nukleinsäuremoleküle, die mit einer zu den unter a) genannten Nukleinsäuremolekülen oder einer zu den Sonden SEQ ID No. 1 bis 1007, 1011 bis 1112, 1116 bis 1118 komplementären Sequenz unter stringenten Bedingungen (s.u.) hybridisieren.
- c) Nukleinsäuremoleküle, die eine Oligonukleotidsequenz von SEQ ID No. 1 bis 1007, 1011 bis 1112, 1116 bis 1118 oder die Sequenz eines Nukleinsäuremoleküls nach a) oder b) umfassen und zusätzlich zu den genannten Sequenzen bzw. deren Abwandlungen nach a) oder b) mindestens ein weiteres Nukleotid aufweisen und eine spezifische Hybridisierung mit Nukleinsäuresequenzen von Ziel-Organismen ermöglichen.

Ebenso sind Gegenstand der Erfindung Abwandlungen der obigen Kompetitorsondensequenzen, die trotz der Abweichungen in der Sequenz und/oder Länge eine spezifische Hybridisierung mit Nukleinsäuresequenzen von nicht nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies gewährleisten und dadurch das Binden der Oligonukleotidsonde an die Nukleinsäuresequenzen der nicht nachzuweisenden Mikroorganismengattungen bzw. -spezies verhindern. Sie eignen sich für den Einsatz des erfindungsgemäßen Verfahrens und gewährleisten einen spezifischen Nachweis des jeweiligen Mikroorganismus. Hierunter fallen insbesondere

- a) Nukleinsäuremoleküle, die (i) mit einer der obigen Oligonukleotidsequenzen (SEQ ID No. 1008 bis 1010, 1113 bis 1115) in mindestens 80 %, bevorzugt in mindestens 90 % und besonders bevorzugt in mindestens 92 %, 94 %, 96 % der Basen übereinstimmen, oder die (ii) sich von obigen Oligonukleotidsequenzen durch eine oder mehrere Deletionen und/oder Additionen unterscheiden und das Binden einer spezifischen Oligonukleotidsonde an die Nukleinsäuresequenz eines nicht nachzuweisenden Mikroorganismus verhindern.

- b) Nukleinsäuremoleküle, die mit einer zu den unter a) genannten Nukleinsäuremolekülen oder einer zu den Sonden SEQ ID No. 1008 bis 1010, 1113 bis 1115 komplementären Sequenz unter stringenten Bedingungen (s.u.) hybridisieren.
- c) Nukleinsäuremoleküle, die eine Oligonukleotidsequenz von SEQ ID No. 1008 bis 1010, 1113 bis 1115 oder die Sequenz eines Nukleinsäuremoleküls nach a) oder b) umfassen und zusätzlich zu den genannten Sequenzen bzw. deren Abwandlungen nach a) oder b) mindestens ein weiteres Nukleotid aufweisen und das Binden einer spezifischen Oligonukleotidsonde an die Nukleinsäuresequenz eines nicht nachzuweisenden Mikroorganismus verhindern.

Der Grad der Sequenzidentität eines Nukleinsäuresondenmoleküls mit den Oligonukleotidsonden mit der SEQ ID No. 1 bis SEQ ID No. 1118 kann mit üblichen Algorithmen bestimmt werden. Geeignet ist hierzu beispielsweise das Programm zur Bestimmung der Sequenzidentität, das unter <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST> (auf dieser Seite z.B. der Link „Standard nucleotide-nucleotide BLAST [blastn]“) zugänglich ist.

„Hybridisieren“ kann im Rahmen dieser Erfindung gleichbedeutend sein mit „komplementär“. Im Rahmen dieser Erfindung sind auch solche Oligonukleotide umfasst, die mit dem (theoretischen) Gegenstrang eines erfindungsgemäßen Oligonukleotids, einschließlich der erfindungsgemäßen Abwandlungen der SEQ ID No. 1 bis SEQ ID No. 1117, hybridisieren.

Der Begriff „stringente Bedingungen“ steht allgemein für Bedingungen, unter denen eine Nukleinsäuresequenz präferenziell an ihre Zielsequenz hybridisieren wird, und zu einem deutlich geringeren Ausmaß oder gar nicht an andere Sequenzen. Stringente Bedingungen sind z.T. Sequenz-abhängig und werden unter verschiedenen Umständen unterschiedlich sein. Längere Sequenzen hybridisieren spezifisch bei höheren Temperaturen. Im Allgemeinen werden stringente Bedingungen so ausgewählt, dass die Temperatur etwa 5°C unter dem

thermischen Schmelzpunkt ( $T_m$ ) für die spezifische Sequenz bei einer definierten Ionenstärke und einem definierten pH liegt. Die  $T_m$  ist die Temperatur (unter definierter Ionenstärke, pH und Nukleinsäurekonzentration), bei der 50 % der zu der Zielsequenz komplementären Moleküle zu der Zielsequenz im Gleichgewichtszustand hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresondenmoleküle können im Rahmen des Nachweisverfahrens mit verschiedenen Hybridisierungslösungen eingesetzt werden. Verschiedene organische Lösungsmittel können hierbei in Konzentrationen von 0 % bis 80 % eingesetzt werden. Durch das Einhalten von stringenten Hybridisierungsbedingungen wird gewährleistet, dass das Nukleinsäuresondenmolekül auch tatsächlich mit der Zielsequenz hybridisiert. Moderate Bedingungen im Sinne der Erfindung sind z.B. 0 % Formamid in einem Hybridisierungspuffer wie er nachfolgend beschrieben ist. Stringente Bedingungen im Sinne der Erfindung sind beispielsweise 20 % bis 80 % Formamid im Hybridisierungspuffer.

Im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens zum spezifischen Nachweis von Hefen der Gattungen *Zygosaccharomyces*, *Hanseniaspora*, *Candida*, *Saccharomyces* und *Saccharomyces*, insbesondere der Spezies *Zygosaccharomyces bailii*, *Z. mellis*, *Z. rouxii*, *Z. bisporus*, *Hanseniaspora uvarum*, *Candida intermedia*, *Saccharomyces exiguus*, *Saccharomyces ludwigii* enthält eine typische Hybridisierungslösung 0 % bis 80 % Formamid, bevorzugt 20 % bis 60 % Formamid, besonders bevorzugt 40 % Formamid. Sie hat außerdem eine Salzkonzentration von 0,1 Mol/l bis 1,5 Mol/l, bevorzugt von 0,7 Mol/l bis 1,0 Mol/l, besonders bevorzugt von 0,9 Mol/l, wobei es sich bei dem Salz vorzugsweise um Natriumchlorid handelt. Weiter umfasst die Hybridisierungslösung üblicherweise ein Detergens, wie z.B. Natriumdodecylsulfat (SDS), in einer Konzentration von 0,001 % bis 0,2 %, vorzugsweise in einer Konzentration von 0,005 % bis 0,05 %, besonders bevorzugt in einer Konzentration von 0,01 %. Zum Puffern der Hybridisierungslösung können verschiedene Verbindungen wie Tris-HCl, Natrium-Citrat, PIPES oder HEPES verwendet werden, die üblicherweise in Konzentrationen von 0,01 Mol/l bis 0,1 Mol/l eingesetzt werden,



bevorzugt von 0,01 Mol/l bis 0,05 Mol/l, in einem pH-Wert-Bereich von 6,0 bis 9,0, bevorzugt 7,0 bis 8,0. Die besonders bevorzugte erfindungsgemäße Ausführung der Hybridisierungslösung beinhaltet 0,02 Mol/l Tris-HCl, pH 8,0.

Im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens zum spezifischen Nachweis von Schimmelpilzen der Gattungen *Mucor*, *Byssoschlamys*, *Neosartorya*, *Aspergillus* und *Talaromyces*, insbesondere der Spezies *Mucor racemosus*, *Byssoschlamys nivea*, *Neosartorya fischeri*, *Aspergillus fumigatus* und *A. fischeri*, *Talaromyces flavus*, *T. bacillisporus* und *T. flavus* enthält eine typische Hybridisierungslösung 0 % bis 80 % Formamid, bevorzugt 10 % bis 60 % Formamid, besonders bevorzugt 20 % Formamid. Sie hat außerdem eine Salzkonzentration von 0,1 Mol/l bis 1,5 Mol/l, bevorzugt von 0,7 Mol/l bis 1,0 Mol/l, besonders bevorzugt von 0,9 Mol/l, wobei es sich bei dem Salz vorzugsweise um Natriumchlorid handelt. Weiter umfasst die Hybridisierungslösung üblicherweise ein Detergens, wie z.B. Natriumdodecylsulfat (SDS), in einer Konzentration von 0,001 % bis 0,2 %, vorzugsweise in einer Konzentration von 0,005 % bis 0,05 %, besonders bevorzugt in einer Konzentration von 0,01 %. Zum Puffern der Hybridisierungslösung können verschiedene Verbindungen wie Tris-HCl, Natrium-Citrat, PIPES oder HEPES verwendet werden, die üblicherweise in Konzentrationen von 0,01 Mol/l bis 0,1 Mol/l eingesetzt werden, bevorzugt von 0,01 Mol/l bis 0,05 Mol/l, in einem pH-Wert-Bereich von 6,0 bis 9,0, bevorzugt 7,0 bis 8,0. Die besonders bevorzugte erfindungsgemäße Ausführung der Hybridisierungslösung beinhaltet 0,02 Mol/l Tris-HCl, pH 8,0.

Im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens zum spezifischen Nachweis von Bakterien der Gattungen *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Weissella*, *Lactococcus*, *Acetobacter*, *Gluconobacter*, *Gluconoacetobacter*, *Bacillus* und *Alicyclobacillus*, insbesondere der Spezies *Lactobacillus collinoides*, *Leuconostoc mesenteroides*, *L. pseudomesenteroides*, *Oenococcus oenos*, *Bacillus coagulans*, *Alicyclobacillus ssp.*, *A. acidoterrestris*, *A. cycloheptanicus* und *A. herbarius* enthält eine typische Hybridisierungslösung 0 % bis 80 % Formamid, bevorzugt

10 % bis 60 % Formamid, besonders bevorzugt 20 % Formamid. Sie hat außerdem eine Salzkonzentration von 0,1 Mol/l bis 1,5 Mol/l, bevorzugt von 0,7 Mol/l bis 1,0 Mol/l, besonders bevorzugt von 0,9 Mol/l, wobei es sich bei dem Salz vorzugsweise um Natriumchlorid handelt. Weiter umfasst die Hybridisierungslösung üblicherweise ein Detergens, wie z.B. Natriumdodecylsulfat (SDS), in einer Konzentration von 0,001 % bis 0,2 %, vorzugsweise in einer Konzentration von 0,005 % bis 0,05 %, besonders bevorzugt in einer Konzentration von 0,01 %. Zum Puffern der Hybridisierungslösung können verschiedene Verbindungen wie Tris-HCl, Natrium-Citrat, PIPES oder HEPES verwendet werden, die üblicherweise in Konzentrationen von 0,01 Mol/l bis 0,1 Mol/l eingesetzt werden, bevorzugt von 0,01 Mol/l bis 0,05 Mol/l, in einem pH-Wert-Bereich von 6,0 bis 9,0, bevorzugt 7,0 bis 8,0. Die besonders bevorzugte erfindungsgemäße Ausführung der Hybridisierungslösung beinhaltet 0,02 Mol/l Tris-HCl, pH 8,0.

Es versteht sich, dass der Fachmann die angegebenen Konzentrationen der Bestandteile des Hybridisierungspuffers derart auswählen kann, dass die gewünschte Stringenz der Hybridisierungsreaktion erzielt wird. Besonders bevorzugte Ausführungsformen geben stringente bis besonders stringente Hybridisierungsbedingungen wieder. Unter Einsatz dieser stringenten Bedingungen kann der Fachmann feststellen, ob ein bestimmtes Nukleinsäuremolekül einen spezifischen Nachweis von Nukleinsäuresequenzen von Ziel-Organismen ermöglicht und somit im Rahmen der Erfindung zuverlässig eingesetzt werden kann.

Die Konzentration der Nukleinsäuresonde im Hybridisierungspuffer ist abhängig von der Art ihrer Markierung und der Anzahl der Zielstrukturen. Um eine schnelle und effiziente Hybridisierung zu ermöglichen, sollte die Anzahl der Nukleinsäuresondenmoleküle die Anzahl der Zielstrukturen um mehrere Größenordnungen überschreiten. Allerdings ist bei der Fluoreszenz in situ-Hybridisierung (FISH) darauf zu achten, dass eine zu hohe Menge an fluoreszenzmarkierten Nukleinsäuresondenmolekülen zu erhöhter Hintergrundfluoreszenz

führt. Die Konzentration der Nukleinsäuresondenmoleküle sollte deshalb in einem Bereich zwischen 0,5 bis 500 ng/µl liegen. Die im Rahmen der erfindungsgemäßen Verfahren bevorzugte Konzentration beträgt 1 bis 10 ng jedes verwendeten Nukleinsäuresondenmoleküls pro µl Hybridisierungslösung. Das verwendete Volumen der Hybridisierungslösung sollte zwischen 8 µl und 100 ml liegen, bei einer besonders bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren beträgt es 30 µl.

Die Konzentration der Kompetitorsonde im Hybridisierungspuffer ist abhängig von der Anzahl der Zielstrukturen. Um eine schnelle und effiziente Hybridisierung zu ermöglichen, sollte die Anzahl der Kompetitorsondenmoleküle die Anzahl der Zielstrukturen um mehrere Größenordnungen überschreiten. Die Konzentration der Kompetitorsondenmoleküle sollte deshalb in einem Bereich zwischen 0,5 bis 500 ng/µl liegen. Die im Rahmen der erfindungsgemäßen Verfahren bevorzugte Konzentration beträgt 1 bis 10 ng jedes verwendeten Kompetitorsondenmoleküls pro µl Hybridisierungslösung. Das verwendete Volumen der Hybridisierungslösung sollte zwischen 8 µl und 100 ml liegen, bei einer besonders bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren beträgt es 30 µl.

Die Dauer der Hybridisierung beträgt üblicherweise zwischen 10 Minuten und 12 Stunden; bevorzugt erfolgt die Hybridisierung für etwa 1,5 Stunden. Die Hybridisierungstemperatur beträgt bevorzugt zwischen 44 °C und 48 °C, besonders bevorzugt 46 °C, wobei der Parameter der Hybridisierungstemperatur, wie auch die Konzentration an Salzen und Detergenzien in der Hybridisierungslösung in Abhängigkeit von den Nukleinsäuresonden, insbesondere deren Längen und dem Grad der Komplementarität zur Zielsequenz in der nachzuweisenden Zelle optimiert werden kann. Der Fachmann ist mit einschlägigen Berechnungen hierzu vertraut.

Nach erfolgter Hybridisierung sollten die nicht hybridisierten und überschüssigen Nukleinsäuresondenmoleküle entfernt bzw. abgewaschen werden, was üblicherweise mittels einer

herkömmlichen Waschlösung erfolgt. Diese Waschlösung kann, falls gewünscht, 0,001 % bis 0,1 % eines Detergens wie SDS, bevorzugt 0,005 % bis 0,05 %, besonders bevorzugt 0,01 %, sowie Tris-HCl in einer Konzentration von 0,001 Mol/l bis 0,1 Mol/l, bevorzugt 0,01 Mol/l bis 0,05 Mol/l, besonders bevorzugt 0,02 Mol/l enthalten, wobei der pH-Wert von Tris-HCl im Bereich von 6,0 bis 9,0, vorzugsweise bei 7,0 bis 8,0, besonders bevorzugt bei 8,0 liegt. Ein Detergens kann enthalten sein, ist aber nicht zwingend erforderlich. Weiter enthält die Waschlösung üblicherweise NaCl, wobei die Konzentration je nach benötigter Stringenz von 0,003 Mol/l bis 0,9 Mol/l, bevorzugt von 0,01 Mol/l bis 0,9 Mol/l, beträgt. Des weiteren kann die Waschlösung EDTA enthalten, wobei die Konzentration vorzugsweise 0,005 Mol/l beträgt. Ferner kann die Waschlösung auch dem Fachmann geläufige Konservierungsmittel in geeigneten Mengen enthalten.

Allgemein kommen bei dem Waschschrift Pufferlösungen zum Einsatz, die prinzipiell sehr ähnlich aussehen können wie die Hybridisierungspuffer (gepufferte Natriumchloridlösung), nur dass der Waschschrift in der Regel in einem Puffer mit niedrigerer Salzkonzentration bzw. bei höherer Temperatur durchgeführt wird. Zur theoretischen Abschätzung der Hybridisierungsbedingungen kann folgende Formel verwendet werden:

$$T_d = 81,5 + 16,6 \lg[Na^+] + 0,4 \times (\% GC) - 820/n - 0,5 \times (\% FA)$$

$T_d$  = Dissoziationstemperatur in °C

$[Na^+]$  = Molarität der Natriumionen

$\% GC$  = Anteil der Guanin- und Cytosinnukleotide an der Anzahl der Basen

$n$  = Länge des Hybrids

$\% FA$  = Formamidgehalt

Mit Hilfe dieser Formel kann z.B. der Formamidanteil (der wegen der Toxizität des Formamids möglichst gering sein sollte) des Waschpuffers durch einen entsprechend

niedrigeren Natriumchloridgehalt ersetzt werden. Allerdings ist dem Fachmann aus der umfangreichen Literatur zu in situ-Hybridisierungsmethoden bekannt, dass und auf welche Weise die genannten Bestandteile variiert werden können. Bezüglich der Stringenz der Hybridisierungsbedingungen gilt das oben im Zusammenhang mit dem Hybridisierungspuffer Gesagte.

Das „Abwaschen“ der nicht gebundenen Nukleinsäuresondenmoleküle erfolgt üblicherweise bei einer Temperatur im Bereich von 44 °C bis 52 °C, bevorzugt von 44 °C bis 50 °C und besonders bevorzugt bei 46 °C für eine Dauer von 10 bis 40 Minuten, vorzugsweise für 15 Minuten.

Die spezifisch hybridisierten Nukleinsäuresondenmoleküle können anschließend in den jeweiligen Zellen detektiert werden. Voraussetzung hierfür ist, dass das Nukleinsäuresondenmolekül nachweisbar ist, z.B. dadurch dass das Nukleinsäuresondenmolekül durch kovalente Bindung mit einem Marker verknüpft ist. Als detektierbare Marker werden z.B. fluoreszierende Gruppen wie z.B. CY2 (erhältlich von Amersham Life Sciences, Inc., Arlington Heights, USA), CY3 (ebenfalls erhältlich von Amersham Life Sciences), CY5 (ebenfalls zu beziehen von Amersham Life Sciences), FITC (Molecular Probes Inc., Eugene, USA), FLUOS (erhältlich von Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland), TRITC (erhältlich von Molecular Probes Inc. Eugene, USA), 6-FAM oder FLUOS-PRIME verwendet, die dem Fachmann alle wohlbekannt sind. Auch chemische Marker, radioaktive Marker oder enzymatische Marker wie Meerrettich-Peroxidase, saure Phosphatase, alkalische Phosphatase und Peroxidase können verwendet werden. Für jedes dieser Enzyme ist eine Reihe von Chromogenen bekannt, die anstelle des natürlichen Substrates umgesetzt werden können und entweder zu farbigen oder zu fluoreszierenden Produkten umgesetzt werden können. Beispiele für solche Chromogene sind in der nachfolgenden Tabelle angegeben:

### Tabelle

Enzyme	Chromogen
1. Alkalische Phosphatase und saure Phosphatase	4-Methylumbelliferylphosphat (*), Bis(4-Methylumbelliferylphosphat), (*) 3-O-Methylfluoreszein, Flavon-3-Diphosphatdiammoniumsalz (*), p-Nitrophenylphosphatdinatriumsalz
2. Peroxidase	Tyraminhydrochlorid (*), 3-(p-Hydroxyphenyl)-Propionsäure (*), p-Hydroxyphenethylalkohol(*), 2,2'-Azino-di-3-ethylbenzthiazolinsulfonsäure (ABTS), ortho-Phenylendiamindihydrochlorid, o-Dianisidin, 5-Aminosalicylsäure, p-Ucresol (*), 3,3'-dimethyloxybenzidin, 3-Methyl-2-benzothiazolinhydrazon, Tetramethylbenzidin
3. Meerrettichperoxidase	H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> + Diammoniumbenzidin H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> + Tetramethylbenzidin
4. $\beta$ -D-Galaktosidase	o-Nitrophenyl- $\beta$ -D-galaktopyranosid, 4-Methylumbelliferyl- $\beta$ -D-galaktosid
5. Glukseoxidase	ABTS, Glukse und Thiazolylblau

\*Fluoreszenz

Schließlich ist es möglich, die Nukleinsäuresondenmoleküle so zu gestalten, dass an ihrem 5'- oder 3'-Ende eine weitere zur Hybridisierung geeignete Nukleinsäuresequenz vorhanden ist. Diese Nukleinsäuresequenz umfasst wiederum ca. 15 bis 100, bevorzugt 15 bis 50 Nukleo-

tide. Dieser zweite Nukleinsäurebereich kann wiederum von einem Nukleinsäuresondenmolekül erkannt werden, welches durch eines der oben erwähnten Mittel nachweisbar ist.

Eine weitere Möglichkeit besteht in der Kopplung der nachweisbaren Nukleinsäuresondenmoleküle mit einem Hapten, das anschließend mit einem das Hapten erkennenden Antikörper in Kontakt gebracht werden kann. Als Beispiel für solch ein Hapten kann Digoxigenin angeführt werden. Dem Fachmann sind über die angegebenen Beispiele hinaus noch weitere wohl bekannt.

Die abschließende Auswertung ist in Abhängigkeit von der Art der Markierung der verwendeten Sonde mit einem Lichtmikroskop, Epifluoreszenzmikroskop, Chemoluminometer, Fluorometer u.a. möglich.

Ein wichtiger Vorteil der in dieser Anmeldung beschriebenen Verfahren zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Hefen der Gattungen *Zygosaccharomyces*, *Hanseniaspora*, *Candida*, *Saccharomyces* und *Saccharomycodes*, insbesondere der Spezies *Zygosaccharomyces bailii*, *Z. mellis*, *Z. rouxii*, *Z. bisporus*, *Hanseniaspora uvarum*, *Candida intermedia*, *Saccharomyces exiguus*, *Saccharomycodes ludwigii* oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Schimmelpilzen der Gattungen *Mucor*, *Byssoschlamys*, *Neosartorya*, *Aspergillus* und *Talaromyces*, insbesondere der Spezies *Mucor racemosus*, *Byssoschlamys nivea*, *Neosartorya fischeri*, *Aspergillus fumigatus* und *A. fischeri*, *Talaromyces flavus*, *T. bacillisporus* und *T. flavus* oder zum spezifischen Nachweis von getränkeschädlichen Bakterien der Gattungen *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Weissella*, *Lactococcus*, *Acetobacter*, *Gluconobacter*, *Gluconoacetobacter*, *Bacillus* und *Alicyclobacillus*, insbesondere der Spezies *Lactobacillus collinoides*, *Leuconostoc mesenteroides*, *L. pseudomesenteroides*, *Oenococcus oenos*, *Bacillus coagulans*, *Alicyclobacillus ssp.*, *A. acidoterrestris*, *A. cycloheptanicus* und *A. herbarius* gegenüber den weiter oben beschriebenen Nachweismethoden ist die außergewöhnliche Schnelligkeit. Im

Vergleich zu herkömmlichen Kultivierungsverfahren, die bis zu zehn Tage benötigen, liegt das Ergebnis bei Anwendung der erfindungsgemäßen Verfahren innerhalb von 24 bis 48 Stunden vor.

Ein weiterer Vorteil liegt in der Befähigung, eine genaue Unterscheidung der nachzuweisenden, getränkerelevanten Mikroorganismen vorzunehmen. Mit bislang geläufigen Verfahren wurde beim Nachweis keine Differenzierung der Mikroorganismen bis auf Gattungs- und/oder Artebene vorgenommen, da die Differenzierung entweder gar nicht möglich oder zu zeitaufwendig war.

Ein weiterer Vorteil liegt in der Spezifität dieser Verfahren. Durch die verwendeten Nukleinsäuresondenmoleküle können hochspezifisch getränkeschädliche Hefen der Gattungen *Zygosaccharomyces*, *Hanseniaspora*, *Candida*, *Saccharomyces* und *Saccharomycodes*, insbesondere der Spezies *Zygosaccharomyces bailii*, *Z. mellis*, *Z. rouxii*, *Z. bisporus*, *Hanseniaspora uvarum*, *Candida intermedia*, *Saccharomyces exiguus*, *Saccharomycodes ludwigii* oder getränkeschädliche Schimmelpilzen der Gattungen *Mucor*, *Byssoschlamys*, *Neosartorya*, *Aspergillus* und *Talaromyces*, insbesondere der Spezies *Mucor racemosus*, *Byssoschlamys nivea*, *Neosartorya fischeri*, *Aspergillus fumigatus* und *A. fischeri*, *Talaromyces flavus*, *T. bacillisporus* und *T. flavus* oder getränkeschädliche Bakterien der Gattungen *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Weissella*, *Lactococcus*, *Acetobacter*, *Gluconobacter*, *Gluconoacetobacter*, *Bacillus* und *Alicyclobacillus*, insbesondere der Spezies *Lactobacillus collinoides*, *Leuconostoc mesenteroides*, *L. pseudomesenteroides*, *Oenococcus oenos*, *Bacillus coagulans*, *Alicyclobacillus ssp.*, *A. acidoterrestris*, *A. cycloheptanicus* und *A. herbarius* nachgewiesen werden. Durch die Visualisierung der Mikroorganismen kann eine gleichzeitige visuelle Kontrolle stattfinden. Falsch positive Ergebnisse, wie sie häufig bei der Polymerase-Ketten-Reaktion auftreten, sind somit ausgeschlossen.



Ein weiterer Vorteil der erfindungsgemäßen Verfahren liegt in der leichten Handhabbarkeit. So können durch die Verfahren leicht große Mengen an Proben auf das Vorhandensein der genannten Mikroorganismen getestet werden.

Die erfindungsgemäßen Verfahren können vielfältig angewendet werden.

So können beispielsweise alkoholfreie Getränke (z.B. Fruchtsäfte, Fruchtnektare, Fruchtkonzentrate, Fruchtpürees, Erfrischungsgetränke und Wässer) auf die Anwesenheit der nachzuweisenden Mikroorganismen untersucht werden.

Auch können beispielsweise Umweltproben auf das Vorhandensein der nachzuweisenden Mikroorganismen untersucht werden. Diese Proben können hierzu z.B. aus dem Boden entnommen oder auch Teile von Pflanzen sein.

Das erfindungsgemäße Verfahren kann weiter zur Untersuchung von Abwasserproben oder Silageproben eingesetzt werden.

Das erfindungsgemäße Verfahren kann weiter zur Untersuchung medizinischer Proben, z.B. von Stuhlproben, Blutkulturen, Sputum, Gewebeproben (auch Schnitte), Wundmaterial, Urin, Proben aus dem Respirationstrakt, Implantate und Katheteroberflächen eingesetzt werden.

Ein weiteres Anwendungsgebiet für das erfindungsgemäße Verfahren ist die Kontrolle von Lebensmitteln. In bevorzugten Ausführungsformen werden die Lebensmittelproben aus Milch oder Milchprodukten (Joghurt, Käse, Quark, Butter, Buttermilch), Trinkwasser, alkoholischen Getränken (z.B. Bier, Wein, Spirituosen), Backwaren oder Fleischwaren entnommen.

Ein weiteres Anwendungsgebiet für das erfindungsgemäße Verfahren ist die Untersuchung pharmazeutischer und kosmetischer Produkte, z.B. Salben, Cremes, Tinkturen, Säfte, Lösungen, Tropfen etc.

Erfindungsgemäß werden weiterhin Kits zur Durchführung der entsprechenden Verfahren zur Verfügung gestellt. Die in diesen Kits enthaltene Hybridisierungsanordnung ist z.B. in der deutschen Patentanmeldung 100 61 655.0 beschrieben. Auf die in diesem Dokument enthaltene Offenbarung bezüglich der in situ-Hybridisierungsanordnung wird hiermit ausdrücklich Bezug genommen.

Außer der beschriebenen Hybridisierungsanordnung (als VIT-Reaktor bezeichnet) umfassen die Kits als wichtigsten Bestandteil die jeweilige Hybridisierungslösung mit den weiter oben beschriebenen für die nachzuweisenden Mikroorganismen spezifischen Nukleinsäuresondenmolekülen (VIT-Lösung). Weiterhin ist jeweils enthalten der entsprechende Hybridisierungspuffer (Solution C) und ein Konzentrat der entsprechenden Waschlösung (Solution D). Weiterhin sind enthalten gegebenenfalls Fixierungslösungen (Solution A und Solution B) sowie gegebenenfalls eine Einbettlösung (Finisher). Gegebenenfalls sind Lösungen zur parallelen Durchführung einer Positivkontrolle (Positive Control) sowie einer Negativkontrolle (Negative Control) enthalten.

Das folgende Beispiel soll die Erfindung erläutern, ohne sie einzuschränken:

#### Beispiel

Spezifischer Schnellnachweis getränkeschädlicher Mikroorganismen in einer Probe

Eine Probe wird in geeigneter Weise 20 bis 48 h kultiviert. Zum Nachweis von Hefen und Schimmelpilzen kann die Kultivierung z.B. in SSL-Bouillon für 24 h bei 25 °C erfolgen. Zum

Nachweis von Milchsäurebakterien kann die Kultivierung z.B. in MRS-Bouillon für 48 h bei 30 °C erfolgen. Zum Nachweis von Essigsäurebakterien kann die Kultivierung z.B. auf DSM-Agar für 48 h bei 28 °C erfolgen. Zum Nachweis von Bazillen, vornehmlich *B. coagulans* kann die Kultivierung z.B. auf Dextrose-Caseinpepton Agar für 48 h bei 55 °C erfolgen. Zum Nachweis von Alicyclobazillen kann die Kultivierung z.B. in BAM-Bouillon für 48 h bei 44 °C erfolgen.

Zu einem Aliquot der Kultur wird dasselbe Volumen Fixierungslösung (Solution B, Ethanol absolut) zugegeben. Alternativ kann auch ein Aliquot der Kultur zentrifugiert werden (4 000 g, 5 min, Raumtemperatur) und – nach Verwerfen des Überstandes – das Pellet in 4 Tropfen Fixierungslösung (Solution B) aufgenommen werden.

Zur Durchführung der Hybridisierung wird ein geeignetes Aliquot der fixierten Zellen (bevorzugt 5 µl) auf einen Objektträger aufgebracht und getrocknet (46 °C, 30 min oder bis vollständig trocken). Alternativ können die Zellen auch auf andere Trägermaterialien (z. B. eine Mikrotiterplatte oder einen Filter) aufgebracht werden. Anschließend werden die getrockneten Zellen vollständig dehydratisiert durch erneuten Zusatz der Fixierungslösung (Solution B). Der Objektträger wird erneut getrocknet (Raumtemperatur, 3 min oder bis vollständig trocken).

Anschließend wird auf die fixierten, dehydratisierten Zellen die Hybridisierungslösung (VIT-Lösung, Hybridisierungspuffer mit markierten Sondenmolekülen) mit den weiter oben beschriebenen für die nachzuweisenden Mikroorganismen spezifischen Nukleinsäuresondenmolekülen aufgebracht. Das bevorzugte Volumen beträgt 40 µl. Der Objektträger wird anschließend in einer mit Hybridisierungspuffer (Solution C) befeuchteten Kammer, bevorzugt dem VIT-Reaktor (siehe DE 100 61 655.0), inkubiert (46 °C, 90 min).

Anschließend wird der Objektträger aus der Kammer entnommen, die Kammer mit Waschlösung befüllt (Solution D, 1:10 verdünnt in destilliertem Wasser) und der Objektträger in dieser inkubiert (46 °C, 15 min).

Anschließend wird die Kammer mit destilliertem Wasser befüllt, der Objektträger kurz eingetaucht und anschließend in seitlicher Stellung luftgetrocknet (46 °C, 30 min oder bis vollständig trocken).

Anschließend wird der Objektträger in einem geeigneten Medium (Finisher) eingebettet.

Abschließend wird die Probe mit Hilfe eines Fluoreszenzmikroskops analysiert.

## PATENTANSPRÜCHE

1. Verfahren zum Nachweis von getränkeschädlichen Mikroorganismen in einer Probe, wobei der Nachweis mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde erfolgt, die eine Nukleinsäuresequenz aufweist, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus (sämtliche Sequenzen in 5' → 3'-Richtung):

SEQ ID No. 1:	5'- CCCGGTCGAATTAAAACC
SEQ ID No. 2:	5'- GCCCGGTCGAATTAAAAC
SEQ ID No. 3:	5'- GGCCCGGTCGAATTAAAA
SEQ ID No. 4:	5'- AGGCCCGGTCGAATTAAA
SEQ ID No. 5:	5'- AAGGCCCGGTCGAATTAA
SEQ ID No. 6:	5'- ATATTTCGAGCGAAACGCC
SEQ ID No. 7:	5'- AAAGATCCGGACCGGCCG
SEQ ID No. 8:	5'- GGAAAGATCCGGACCGGC
SEQ ID No. 9:	5'- GAAAGATCCGGACCGGCC
SEQ ID No. 10:	5'- GATCCGGACCGGCCGACC
SEQ ID No. 11:	5'- AGATCCGGACCGGCCGAC
SEQ ID No. 12:	5'- AAGATCCGGACCGGCCGA
SEQ ID No. 13:	5'- GAAAGGCCCGGTCGAATT
SEQ ID No. 14:	5'- AAAGGCCCGGTCGAATTA
SEQ ID No. 15:	5'- GGAAAGGCCCGGTCGAAT
SEQ ID No. 16:	5'- AGGAAAGGCCCGGTCGAA
SEQ ID No. 17:	5'- AAGGAAAGGCCCGGTCGA
SEQ ID No. 18:	5'- GGAAGAAAACCAAGTACGC
SEQ ID No. 19:	5'- CCGGTCGGAAGAAAACCA
SEQ ID No. 20:	5'- GAAGAAAACCAAGTACGCG
SEQ ID No. 21:	5'- CCCGGTCGGAAGAAAACC

SEQ ID No. 22: 5'- CGGTCGGAAGAAAACCAG  
SEQ ID No. 23: 5'- GGTCGGAAGAAAACCAGT  
SEQ ID No. 24: 5'- AAGAAAACCAGTACGCGG  
SEQ ID No. 25: 5'- GTACGCGGAAAAATCCGG  
SEQ ID No. 26: 5'- AGTACGCGGAAAAATCCG  
SEQ ID No. 27: 5'- GCGGAAAAATCCGGACCG  
SEQ ID No. 28: 5'- CGGAAGAAAACCAGTACG  
SEQ ID No. 29: 5'- GCCCGGTCGGAAGAAAAC  
SEQ ID No. 30: 5'- CGCGGAAAAATCCGGACC  
SEQ ID No. 31: 5'- CAGTACGCGGAAAAATCC  
SEQ ID No. 32: 5'- AGAAAACCAGTACGCGGA  
SEQ ID No. 33: 5'- GGCCCGGTCGGAAGAAAA  
SEQ ID No. 34: 5'- ATAAACACCACCCGATCC  
SEQ ID No. 35: 5'- ACGCGGAAAAATCCGGAC  
SEQ ID No. 36: 5'- GAGAGGCCCGGTCGGAAG  
SEQ ID No. 37: 5'- AGAGGCCCGGTCGGAAGA  
SEQ ID No. 38: 5'- GAGGCCCGGTCGGAAGAA  
SEQ ID No. 39: 5'- AGGCCCGGTCGGAAGAAA  
SEQ ID No. 40: 5'- CCGAGTGGGTCAGTAAAT  
SEQ ID No. 41: 5'- CCAGTACGCGGAAAAATC  
SEQ ID No. 42: 5'- TAAACACCACCCGATCCC  
SEQ ID No. 43: 5'- GGAGAGGCCCGGTCGGAA  
SEQ ID No. 44: 5'- GAAAACCAGTACGCGGAA  
SEQ ID No. 45: 5'- TACGCGGAAAAATCCGGA  
SEQ ID No. 46: 5'- GGCCACAGGGACCCAGGG  
SEQ ID No. 47: 5'- TCACCAAGGGCCACAGGG  
SEQ ID No. 48: 5'- GGGCCACAGGGACCCAGG  
SEQ ID No. 49: 5'- TTCACCAAGGGCCACAGG

SEQ ID No. 50: 5'- ACAGGGACCCAGGGCTAG  
SEQ ID No. 51: 5'- AGGGCCACAGGGACCCAG  
SEQ ID No. 52: 5'- GTTCACCAAGGGCCACAG  
SEQ ID No. 53: 5'- GCCACAGGGACCCAGGGC  
SEQ ID No. 54: 5'- CAGGGACCCAGGGCTAGC  
SEQ ID No. 55: 5'- AGGGACCCAGGGCTAGCC  
SEQ ID No. 56: 5'- ACCAAGGGCCACAGGGAC  
SEQ ID No. 57: 5'- CCACAGGGACCCAGGGCT  
SEQ ID No. 58: 5'- CACAGGGACCCAGGGCTA  
SEQ ID No. 59: 5'- CACCAAGGGCCACAGGGA  
SEQ ID No. 60: 5'- GGGACCCAGGGCTAGCCA  
SEQ ID No. 61: 5'- AGGAGAGGCCCCGGTCGGA  
SEQ ID No. 62: 5'- AAGGAGAGGCCCCGGTCGG  
SEQ ID No. 63: 5'- GAAGGAGAGGCCCCGGTCG  
SEQ ID No. 64: 5'- AGGGCTAGCCAGAAGGAG  
SEQ ID No. 65: 5'- GGGCTAGCCAGAAGGAGA  
SEQ ID No. 66: 5'- AGAAGGAGAGGCCCCGGTC  
SEQ ID No. 67: 5'- CAAGGGCCACAGGGACCC  
SEQ ID No. 68: 5'- CCAAGGGCCACAGGGACC  
SEQ ID No. 69: 5'- GTCGGAAAAACCAGTACG  
SEQ ID No. 70: 5'- GCCCGGTCGGAAAAACCA  
SEQ ID No. 71: 5'- CCGGTCGGAAAAACCAGT  
SEQ ID No. 72: 5'- CCCGGTCGGAAAAACCAG  
SEQ ID No. 73: 5'- TCGGAAAAACCAGTACGC  
SEQ ID No. 74: 5'- CGGAAAAACCAGTACGCG  
SEQ ID No. 75: 5'- GGAAAAACCAGTACGCGG  
SEQ ID No. 76: 5'- GTACGCGGAAAAATCCGG  
SEQ ID No. 77: 5'- AGTACGCGGAAAAATCCG

SEQ ID No. 78: 5'- GCGGAAAAATCCGGACCG  
SEQ ID No. 79: 5'- GGTCGGAAAAACCA GTAC  
SEQ ID No. 80: 5'- ACTCCTAGTGGTGCCCTT  
SEQ ID No. 81: 5'- GCTCCACTCCTAGTGGTG  
SEQ ID No. 82: 5'- CACTCCTAGTGGTGCCCT  
SEQ ID No. 83: 5'- CTCCACTCCTAGTGGTGC  
SEQ ID No. 84: 5'- TCCACTCCTAGTGGTGCC  
SEQ ID No. 85: 5'- CCACTCCTAGTGGTGCCC  
SEQ ID No. 86: 5'- GGCTCCACTCCTAGTGGT  
SEQ ID No. 87: 5'- AGGCTCCACTCCTAGTGG  
SEQ ID No. 88: 5'- GGCCCGGTTCGGAAAAACC  
SEQ ID No. 89: 5'- GAAAAACCA GTACGCGGA  
SEQ ID No. 90: 5'- CGCGGAAAAATCCGGACC  
SEQ ID No. 91: 5'- CAGTACGCGGAAAAATCC  
SEQ ID No. 92: 5'- CGGTTCGGAAAAACCA GTA  
SEQ ID No. 93: 5'- AAGGCCCGGTTCGGAAAAA  
SEQ ID No. 94: 5'- CAGGCTCCACTCCTAGTG  
SEQ ID No. 95: 5'- CTCCTAGTGGTGCCCTTC  
SEQ ID No. 96: 5'- TCCTAGTGGTGCCCTTCC  
SEQ ID No. 97: 5'- GCAGGCTCCACTCCTAGT  
SEQ ID No. 98: 5'- AGGCCCGGTTCGGAAAAAC  
SEQ ID No. 99: 5'- ACGCGGAAAAATCCGGAC  
SEQ ID No. 100: 5'- CCAGTACGCGGAAAAATC  
SEQ ID No. 101: 5'- CTAGTGGTGCCCTTCCGT  
SEQ ID No. 102: 5'- GAAAGGCCCGGTTCGGAAA  
SEQ ID No. 103: 5'- AAAGGCCCGGTTCGGAAAA  
SEQ ID No. 104: 5'- TACGCGGAAAAATCCGGA  
SEQ ID No. 105: 5'- GGAAAGGCCCGGTTCGGAA



SEQ ID No. 106: 5'- ATCTCTTCCGAAAGGTCG  
SEQ ID No. 107: 5'- CATCTCTTCCGAAAGGTC  
SEQ ID No. 108: 5'- CTCTTCCGAAAGGTCGAG  
SEQ ID No. 109: 5'- CTTCCGAAAGGTCGAGAT  
SEQ ID No. 110: 5'- TCTCTTCCGAAAGGTCGA  
SEQ ID No. 111: 5'- TCTTCCGAAAGGTCGAGA  
SEQ ID No. 112: 5'- CCTAGTGGTGCCCTTCCG  
SEQ ID No. 113: 5'- TAGTGGTGCCCTTCCGTC  
SEQ ID No. 114: 5'- AGTGGTGCCCTTCCGTCA  
SEQ ID No. 115: 5'- GCCAAGGTTAGACTCGTT  
SEQ ID No. 116: 5'- GGCCAAGGTTAGACTCGT  
SEQ ID No. 117: 5'- CCAAGGTTAGACTCGTTG  
SEQ ID No. 118: 5'- CAAGGTTAGACTCGTTGG  
SEQ ID No. 119: 5'- AAGGTTAGACTCGTTGGC  
SEQ ID No. 120: 5'- GGCCCGGTCGAAATTAAA  
SEQ ID No. 121: 5'- AGGCCCGGTCGAAATTAA  
SEQ ID No. 122: 5'- AAGGCCCGGTCGAAATTA  
SEQ ID No. 123: 5'- AAAGGCCCGGTCGAAATT  
SEQ ID No. 124: 5'- GAAAGGCCCGGTCGAAAT  
SEQ ID No. 125: 5'- ATATTCGAGCGAAACGCC  
SEQ ID No. 126: 5'- GGAAAGGCCCGGTCGAAA  
SEQ ID No. 127: 5'- AAAGATCCGGACCGGCCG  
SEQ ID No. 128: 5'- GGAAAGATCCGGACCGGC  
SEQ ID No. 129: 5'- GAAAGATCCGGACCGGCC  
SEQ ID No. 130: 5'- GATCCGGACCGGCCGACC  
SEQ ID No. 131: 5'- AGATCCGGACCGGCCGAC  
SEQ ID No. 132: 5'- AAGATCCGGACCGGCCGA  
SEQ ID No. 133: 5'- AGGAAAGGCCCGGTCGAA

SEQ ID No. 134: 5'- AAGGAAAGGCCCGGTCGA  
SEQ ID No. 135: 5'-CGAGCAAAACGCCTGCTTTG  
SEQ ID No. 136: 5'-CGCTCTGAAAGAGAGTTGCC  
SEQ ID No. 137: 5'-AGTTGCCCCCTACACTAGAC  
SEQ ID No. 138: 5'-AGTTGCCCCCTCCTCTAAGC  
SEQ ID No. 139: 5'-CTGCCACAAGGACAAATGGT  
SEQ ID No. 140: 5'-TGCCCCCTCTTCTAAGCAAAT  
SEQ ID No. 141: 5'-AAGACCAGGCCACCTCAT  
SEQ ID No. 142: 5'- CATCATAGAACACCGTCC  
SEQ ID No. 143: 5'- CCTTCCGAAGTCGAGGTTTT  
SEQ ID No. 144: 5'- GGGAGTGTTGCCAACTC  
SEQ ID No. 145: 5'- AGCGGTCGTTGCAACCCT  
SEQ ID No. 146: 5'- CCGAAGTCGGGGTTTTGCGG  
SEQ ID No. 147: 5'- GATAGCCGAAACCACCTTTC  
SEQ ID No. 148: 5'- GCCGAAACCACCTTTCAAAC  
SEQ ID No. 149: 5'- GTGATAGCCGAAACCACCTT  
SEQ ID No. 150: 5'- AGTGATAGCCGAAACCACCT  
SEQ ID No. 151: 5'- TTTAACGGGATGCGTTCGAC  
SEQ ID No. 152: 5'- AAGTGATAGCCGAAACCACC  
SEQ ID No. 153: 5'- GGTTGAATACCGTCAACGTC  
SEQ ID No. 154: 5'- GCACAGTATGTCAAGACCTG  
SEQ ID No. 155: 5'- CATCCGATGTGCAAGCACTT  
SEQ ID No. 156: 5'- TCATCCGATGTGCAAGCACT  
SEQ ID No. 157: 5'- CCGATGTGCAAGCACTTCAT  
SEQ ID No. 158: 5'- CCACTCATCCGATGTGCAAG  
SEQ ID No. 159: 5'- GCCACAGTTCGCCACTCATC  
SEQ ID No. 160: 5'- CCTCCGCGTTTGTCAACGGC  
SEQ ID No. 161: 5'- ACCAGTTCGCCACAGTTCGC

SEQ ID No. 162: 5'- CACTCATCCGATGTGCAAGC  
SEQ ID No. 163: 5'- CCAGTTCGCCACAGTTCGCC  
SEQ ID No. 164: 5'- CTCATCCGATGTGCAAGCAC  
SEQ ID No. 165: 5'- TCCGATGTGCAAGCACTTCA  
SEQ ID No. 166: 5'- CGCCACTCATCCGATGTGCA  
SEQ ID No. 167: 5'- CAGTTCGCCACAGTTCGCCA  
SEQ ID No. 168: 5'- GCCACTCATCCGATGTGCAA  
SEQ ID No. 169: 5'- CGCCACAGTTCGCCACTCAT  
SEQ ID No. 170: 5'- ATCCGATGTGCAAGCACTTC  
SEQ ID No. 171: 5'- GTTCGCCACAGTTCGCCACT  
SEQ ID No. 172: 5'- TCCTCCGCGTTTGTACCGG  
SEQ ID No. 173: 5'- CGCCAGGGTTCATCCTGAGC  
SEQ ID No. 174: 5'- AGTTCGCCACAGTTCGCCAC  
SEQ ID No. 175: 5'- TCGCCACAGTTCGCCACTCA  
SEQ ID No. 176: 5'- TTAACGGGATGCGTTCGACT  
SEQ ID No. 177: 5'- TCGCCACTCATCCGATGTGC  
SEQ ID No. 178: 5'- CCACAGTTCGCCACTCATCC  
SEQ ID No. 179: 5'- GATTTAACGGGATGCGTTCG  
SEQ ID No. 180: 5'- TAACGGGATGCGTTCGACTT  
SEQ ID No. 181: 5'- AACGGGATGCGTTCGACTTG  
SEQ ID No. 182: 5'- CGAAGGTTACCGAACCGACT  
SEQ ID No. 183: 5'- CCGAAGGTTACCGAACCGAC  
SEQ ID No. 184: 5'- CCCGAAGGTTACCGAACCGA  
SEQ ID No. 185: 5'- TTCCTCCGCGTTTGTACCG  
SEQ ID No. 186: 5'- CCGCCAGGGTTCATCCTGAG  
SEQ ID No. 187: 5'- TCCTTCCAGAAGTGATAGCC  
SEQ ID No. 188: 5'- CACCAGTTCGCCACAGTTCG  
SEQ ID No. 189: 5'- ACGGGATGCGTTCGACTTGC

SEQ ID No. 190: 5'- GTCCTTCCAGAAGTGATAGC  
SEQ ID No. 191: 5'- GCCAGGGTTCATCCTGAGCC  
SEQ ID No. 192: 5'- ACTCATCCGATGTGCAAGCA  
SEQ ID No. 193: 5'- ATCATTGCCTTGGTGAACCG  
SEQ ID No. 194: 5'- TCCGCGTTTGTACCCGGCAG  
SEQ ID No. 195: 5'- TGAACCGTTACTCCACCAAC  
SEQ ID No. 196: 5'- GAAGTGATAGCCGAAACCAC  
SEQ ID No. 197: 5'- CCGCGTTTGTACCCGGCAGT  
SEQ ID No. 198: 5'- TTCGCCACTCATCCGATGTG  
SEQ ID No. 199: 5'- CATTTAACGGGATGCGTTCG  
SEQ ID No. 200: 5'- CACAGTTCGCCACTCATCCG  
SEQ ID No. 201: 5'- TTCGCCACAGTTCGCCACTC  
SEQ ID No. 202: 5'- CTCCGCGTTTGTACCCGGCA  
SEQ ID No. 203: 5'- ACGCCGCCAGGGTTCATCCT  
SEQ ID No. 204: 5'- CCTTCCAGAAGTGATAGCCG  
SEQ ID No. 205: 5'- TCATTGCCTTGGTGAACCGT  
SEQ ID No. 206: 5'- CACAGTATGTCAAGACCTGG  
SEQ ID No. 207: 5'- TTGGTGAACCGTTACTCCAC  
SEQ ID No. 208: 5'- CTTGGTGAACCGTTACTCCA  
SEQ ID No. 209: 5'- GTGAACCGTTACTCCACCAA  
SEQ ID No. 210: 5'- GGCTCCCGAAGGTTACCGAA  
SEQ ID No. 211: 5'- GAAGGTTACCGAACCGACTT  
SEQ ID No. 212: 5'- TGGCTCCCGAAGGTTACCGA  
SEQ ID No. 213: 5'- TAATACGCCGCGGGTCCTTC  
SEQ ID No. 214: 5'- GAACCGTTACTCCACCAACT  
SEQ ID No. 215: 5'- TACGCCGCGGGTCCTTCCAG  
SEQ ID No. 216: 5'- TCACCAGTTCGCCACAGTTC  
SEQ ID No. 217: 5'- CCTTGGTGAACCGTTACTCC

SEQ ID No. 218: 5'- CTCACCAGTTCGCCACAGTT  
SEQ ID No. 219: 5'- CGCCGCCAGGGTTCATCCTG  
SEQ ID No. 220: 5'- CCTTGGTGAACCATTACTCC  
SEQ ID No. 221: 5'- TGGTGAACCATTACTCCACC  
SEQ ID No. 222: 5'- GCCGCCAGGGTTCATCCTGA  
SEQ ID No. 223: 5'- GGTGAACCATTACTCCACCA  
SEQ ID No. 224: 5'- CCAGGGTTCATCCTGAGCCA  
SEQ ID No. 225: 5'- AATACGCCGCGGGTCCTTCC  
SEQ ID No. 226: 5'- CACGCCGCCAGGGTTCATCC  
SEQ ID No. 227: 5'- AGTTCGCCACTCATCCGATG  
SEQ ID No. 228: 5'- CGGGATGCGTTCGACTTGCA  
SEQ ID No. 229: 5'- CATTGCCTTGGTGAACCGTT  
SEQ ID No. 230: 5'- GCACGCCGCCAGGGTTCATC  
SEQ ID No. 231: 5'- CTTCTCCGCGTTTGTCACC  
SEQ ID No. 232: 5'- TGGTGAACCGTTACTCCACC  
SEQ ID No. 233: 5'- CCTTCCTCCGCGTTTGTCAC  
SEQ ID No. 234: 5'- ACGCCGCGGGTCCTTCCAGA  
SEQ ID No. 235: 5'- GGTGAACCGTTACTCCACCA  
SEQ ID No. 236: 5'- GGGTCCTTCCAGAAGTGATA  
SEQ ID No. 237: 5'- CTTCCAGAAGTGATAGCCGA  
SEQ ID No. 238: 5'- GCCTTGGTGAACCATTACTC  
SEQ ID No. 239: 5'- ACAGTTCGCCACTCATCCGA  
SEQ ID No. 240: 5'- ACCTTCCTCCGCGTTTGTC  
SEQ ID No. 241: 5'- CGAACCGACTTTGGGTGTTG  
SEQ ID No. 242: 5'- GAACCGACTTTGGGTGTTGC  
SEQ ID No. 243: 5'- AGGTTACCGAACCGACTTTG  
SEQ ID No. 244: 5'- ACCGAACCGACTTTGGGTGT  
SEQ ID No. 245: 5'- TTACCGAACCGACTTTGGGT

SEQ ID No. 246: 5'- TACCGAACCGACTTTGGGTG  
SEQ ID No. 247: 5'- GTTACCGAACCGACTTTGGG  
SEQ ID No. 248: 5'- AGTTGCAGTCCAGTAAGCCG  
SEQ ID No. 249: 5'- GTTGCAGTCCAGTAAGCCGC  
SEQ ID No. 250: 5'- CAGTTGCAGTCCAGTAAGCC  
SEQ ID No. 251: 5'- TGCAGTCCAGTAAGCCGCCT  
SEQ ID No. 252: 5'- TCAGTTGCAGTCCAGTAAGC  
SEQ ID No. 253: 5'- TTGCAGTCCAGTAAGCCGCC  
SEQ ID No. 254: 5'- GCAGTCCAGTAAGCCGCCTT  
SEQ ID No. 255: 5'- GTCAGTTGCAGTCCAGTAAG  
SEQ ID No. 256: 5'- CTCTAGGTGACGCCGAAGCG  
SEQ ID No. 257: 5'- ATCTCTAGGTGACGCCGAAG  
SEQ ID No. 258: 5'- TCTAGGTGACGCCGAAGCGC  
SEQ ID No. 259: 5'- TCTCTAGGTGACGCCGAAGC  
SEQ ID No. 260: 5'- CCATCTCTAGGTGACGCCGA  
SEQ ID No. 261: 5'- CATCTCTAGGTGACGCCGAA  
SEQ ID No. 262: 5'- TAGGTGACGCCGAAGCGCCT  
SEQ ID No. 263: 5'- CTAGGTGACGCCGAAGCGCC  
SEQ ID No. 264: 5'- CTTAGACGGCTCCTTCCTAA  
SEQ ID No. 265: 5'- CCTTAGACGGCTCCTTCCTA  
SEQ ID No. 266: 5'- ACGTCAGTTGCAGTCCAGTA  
SEQ ID No. 267: 5'- CGTCAGTTGCAGTCCAGTAA  
SEQ ID No. 268: 5'- ACGCCGAAGCGCCTTTTAAC  
SEQ ID No. 269: 5'- GACGCCGAAGCGCCTTTTAA  
SEQ ID No. 270: 5'- GCCGAAGCGCCTTTTAACCTT  
SEQ ID No. 271: 5'- CGCCGAAGCGCCTTTTAACT  
SEQ ID No. 272: 5'- GTGACGCCGAAGCGCCTTTT  
SEQ ID No. 273: 5'- TGACGCCGAAGCGCCTTTTA

SEQ ID No. 274: 5'- AGACGGCTCCTTCCTAAAAG  
SEQ ID No. 275: 5'- ACGGCTCCTTCCTAAAAGGT  
SEQ ID No. 276: 5'- GACGGCTCCTTCCTAAAAGG  
SEQ ID No. 277: 5'- CCTTCCTAAAAGGTTAGGCC  
SEQ ID No. 278: 5'- GGTGACGCCAAAGCGCCTTT  
SEQ ID No. 279: 5'- AGGTGACGCCAAAGCGCCTT  
SEQ ID No. 280: 5'- TAGGTGACGCCAAAGCGCCT  
SEQ ID No. 281: 5'- CTCTAGGTGACGCCAAAGCG  
SEQ ID No. 282: 5'- TCTAGGTGACGCCAAAGCGC  
SEQ ID No. 283: 5'- CTAGGTGACGCCAAAGCGCC  
SEQ ID No. 284: 5'- ACGCCAAAGCGCCTTTTAAC  
SEQ ID No. 285: 5'- CGCCAAAGCGCCTTTTAACT  
SEQ ID No. 286: 5'- TGACGCCAAAGCGCCTTTTA  
SEQ ID No. 287: 5'- TCTCTAGGTGACGCCAAAGC  
SEQ ID No. 288: 5'- GTGACGCCAAAGCGCCTTTT  
SEQ ID No. 289: 5'- GACGCCAAAGCGCCTTTTAA  
SEQ ID No. 290: 5'- ATCTCTAGGTGACGCCAAAG  
SEQ ID No. 291: 5'- CATCTCTAGGTGACGCCAAA  
SEQ ID No. 292: 5'- TCCATCTCTAGGTGACGCCA  
SEQ ID No. 293: 5'- CCATCTCTAGGTGACGCCAA  
SEQ ID No. 294: 5'- CTGCCTTAGACGGCTCCCCC  
SEQ ID No. 295: 5'- CCTGCCTTAGACGGCTCCCC  
SEQ ID No. 296: 5'- GTGTCATGCGACACTGAGTT  
SEQ ID No. 297: 5'- TGTGTCATGCGACACTGAGT  
SEQ ID No. 298: 5'- CTTTGTGTCATGCGACACTG  
SEQ ID No. 299: 5'- TTGTGTCATGCGACACTGAG  
SEQ ID No. 300: 5'- TGCCTTAGACGGCTCCCCCT  
SEQ ID No. 301: 5'- AGACGGCTCCCCCTAAAAGG

SEQ ID No. 302: 5'- TAGACGGCTCCCCCTAAAAG  
SEQ ID No. 303: 5'- GCCTTAGACGGCTCCCCCTA  
SEQ ID No. 304: 5'- GCTCCCCCTAAAAGGTTAGG  
SEQ ID No. 305: 5'- GGCTCCCCCTAAAAGGTTAG  
SEQ ID No. 306: 5'- CTCCCCCTAAAAGGTTAGGC  
SEQ ID No. 307: 5'- TCCCCCTAAAAGGTTAGGCC  
SEQ ID No. 308: 5'- CCCTAAAAGGTTAGGCCACC  
SEQ ID No. 309: 5'- CCCCTAAAAGGTTAGGCCAC  
SEQ ID No. 310: 5'- CGGCTCCCCCTAAAAGGTTA  
SEQ ID No. 311: 5'- CCCCCTAAAAGGTTAGGCCA  
SEQ ID No. 312: 5'- CTTAGACGGCTCCCCCTAAA  
SEQ ID No. 313: 5'- TTAGACGGCTCCCCCTAAAA  
SEQ ID No. 314: 5'- GGGTTCGCAACTCGTTGTAT  
SEQ ID No. 315: 5'- CCTTAGACGGCTCCCCCTAA  
SEQ ID No. 316: 5'- ACGGCTCCCCCTAAAAGGTT  
SEQ ID No. 317: 5'- GACGGCTCCCCCTAAAAGGT  
SEQ ID No. 318: 5'- ACGCCGCAAGACCATCCTCT  
SEQ ID No. 319: 5'- CTAATACGCCGCAAGACCAT  
SEQ ID No. 320: 5'- TACGCCGCAAGACCATCCTC  
SEQ ID No. 321: 5'- GTTACGATCTAGCAAGCCGC  
SEQ ID No. 322: 5'- AATACGCCGCAAGACCATCC  
SEQ ID No. 323: 5'- CGCCGCAAGACCATCCTCTA  
SEQ ID No. 324: 5'- GCTAATACGCCGCAAGACCA  
SEQ ID No. 325: 5'- ACCATCCTCTAGCGATCCAA  
SEQ ID No. 326: 5'- TAATACGCCGCAAGACCATC  
SEQ ID No. 327: 5'- AGCCATCCCTTTCTGGTAAG  
SEQ ID No. 328: 5'- ATACGCCGCAAGACCATCCT  
SEQ ID No. 329: 5'- AGTTACGATCTAGCAAGCCG



SEQ ID No. 330: 5'- AGCTAATACGCCGCAAGACC  
SEQ ID No. 331: 5'- GCCGCAAGACCATCCTCTAG  
SEQ ID No. 332: 5'- TTACGATCTAGCAAGCCGCT  
SEQ ID No. 333: 5'- GACCATCCTCTAGCGATCCA  
SEQ ID No. 334: 5'- TTGCTACGTCACTAGGAGGC  
SEQ ID No. 335: 5'- ACGTCACTAGGAGGCGGAAA  
SEQ ID No. 336: 5'- TTTGCTACGTCACTAGGAGG  
SEQ ID No. 337: 5'- GCCATCCCTTTCTGGTAAGG  
SEQ ID No. 338: 5'- TACGTCACTAGGAGGCGGAA  
SEQ ID No. 339: 5'- CGTCACTAGGAGGCGGAAAC  
SEQ ID No. 340: 5'- AAGACCATCCTCTAGCGATC  
SEQ ID No. 341: 5'- GCACGTATTTAGCCATCCCT  
SEQ ID No. 342: 5'- CTCTAGCGATCCAAAAGGAC  
SEQ ID No. 343: 5'- CCTCTAGCGATCCAAAAGGA  
SEQ ID No. 344: 5'- CCATCCTCTAGCGATCCAAA  
SEQ ID No. 345: 5'- GGCACGTATTTAGCCATCCC  
SEQ ID No. 346: 5'- TACGATCTAGCAAGCCGCTT  
SEQ ID No. 347: 5'- CAGTTACGATCTAGCAAGCC  
SEQ ID No. 348: 5'- CCGCAAGACCATCCTCTAGC  
SEQ ID No. 349: 5'- CCATCCCTTTCTGGTAAGGT  
SEQ ID No. 350: 5'- AGACCATCCTCTAGCGATCC  
SEQ ID No. 351: 5'- CAAGACCATCCTCTAGCGAT  
SEQ ID No. 352: 5'- GCTACGTCACTAGGAGGCGG  
SEQ ID No. 353: 5'- TGCTACGTCACTAGGAGGCG  
SEQ ID No. 354: 5'- CTACGTCACTAGGAGGCGGA  
SEQ ID No. 355: 5'- CCTCAACGTACGTTACGATC  
SEQ ID No. 356: 5'- GTCACCTAGGAGGCGGAAACC  
SEQ ID No. 357: 5'- TCCTCTAGCGATCCAAAAGG

SEQ ID No. 358: 5'- TGGCACGTATTTAGCCATCC  
SEQ ID No. 359: 5'- ACGATCTAGCAAGCCGCTTT  
SEQ ID No. 360: 5'- GCCAGTCTCTCAACTCGGCT  
SEQ ID No. 361: 5'- AAGCTAATACGCCGCAAGAC  
SEQ ID No. 362: 5'- GTTTGCTACGTCAGTAGGAG  
SEQ ID No. 363: 5'- CGCCACTCTAGTCATTGCCT  
SEQ ID No. 364: 5'- GGCCAGCCAGTCTCTCAACT  
SEQ ID No. 365: 5'- CAGCCAGTCTCTCAACTCGG  
SEQ ID No. 366: 5'- CCCGAAGATCAATTCAGCGG  
SEQ ID No. 367: 5'- CCGGCCAGTCTCTCAACTCG  
SEQ ID No. 368: 5'- CCAGCCAGTCTCTCAACTCG  
SEQ ID No. 369: 5'- TCATTGCCTCACTTCACCCG  
SEQ ID No. 370: 5'- GCCAGCCAGTCTCTCAACTC  
SEQ ID No. 371: 5'- CACCCGAAGATCAATTCAGC  
SEQ ID No. 372: 5'- GTCATTGCCTCACTTCACCC  
SEQ ID No. 373: 5'- CATTGCCTCACTTCACCCGA  
SEQ ID No. 374: 5'- ATTGCCTCACTTCACCCGAA  
SEQ ID No. 375: 5'- CGAAGATCAATTCAGCGGCT  
SEQ ID No. 376: 5'- AGTCATTGCCTCACTTCACC  
SEQ ID No. 377: 5'- TCGCCACTCTAGTCATTGCC  
SEQ ID No. 378: 5'- TTGCCTCACTTCACCCGAAG  
SEQ ID No. 379: 5'- CGGCCAGTCTCTCAACTCGG  
SEQ ID No. 380: 5'- CTGGCACGTATTTAGCCATC  
SEQ ID No. 381: 5'- ACCCGAAGATCAATTCAGCG  
SEQ ID No. 382: 5'- TCTAGCGATCCAAAAGGACC  
SEQ ID No. 383: 5'- CTAGCGATCCAAAAGGACCT  
SEQ ID No. 384: 5'- GCACCCATCGTTTACGGTAT  
SEQ ID No. 385: 5'- CACCCATCGTTTACGGTATG

SEQ ID No. 386: 5'- GCCACTCTAGTCATTGCCTC  
SEQ ID No. 387: 5'- CGTTTGCTACGTCACTAGGA  
SEQ ID No. 388: 5'- GCCTCAACGTCAGTTACGAT  
SEQ ID No. 389: 5'- GCCGGCCAGTCTCTCAACTC  
SEQ ID No. 390: 5'- TCACTAGGAGGCGGAAACCT  
SEQ ID No. 391: 5'- AGCCTCAACGTCAGTTACGA  
SEQ ID No. 392: 5'- AGCCAGTCTCTCAACTCGGC  
SEQ ID No. 393: 5'- GGCCAGTCTCTCAACTCGGC  
SEQ ID No. 394: 5'- CAAGCTAATACGCCGCAAGA  
SEQ ID No. 395: 5'- TTCGCCACTCTAGTCATTGC  
SEQ ID No. 396: 5'- CCGAAGATCAATTCAGCGGC  
SEQ ID No. 397: 5'- CGCAAGACCATCCTCTAGCG  
SEQ ID No. 398: 5'- GCAAGACCATCCTCTAGCGA  
SEQ ID No. 399: 5'- GCGTTTGCTACGTCACTAGG  
SEQ ID No. 400: 5'- CCACTCTAGTCATTGCCTCA  
SEQ ID No. 401: 5'- CACTCTAGTCATTGCCTCAC  
SEQ ID No. 402: 5'- CCAGTCTCTCAACTCGGCTA  
SEQ ID No. 403: 5'- TTACCTTAGGCACCGGCCTC  
SEQ ID No. 404: 5'- ACAAGCTAATACGCCGCAAG  
SEQ ID No. 405: 5'- TTTACCTTAGGCACCGGCCT  
SEQ ID No. 406: 5'- TTTTACCTTAGGCACCGGCC  
SEQ ID No. 407: 5'- ATTTTACCTTAGGCACCGGC  
SEQ ID No. 408: 5'- GATTTTACCTTAGGCACCGG  
SEQ ID No. 409: 5'- CTCACTTCACCCGAAGATCA  
SEQ ID No. 410: 5'- ACGCCACCAGCGTTCATCCT  
SEQ ID No. 411: 5'- GCCAAGCGACTTTGGGTACT  
SEQ ID No. 412: 5'- CGGAAAATTCCCTACTGCAG  
SEQ ID No. 413: 5'- CGATCTAGCAAGCCGCTTTC

SEQ ID No. 414: 5'-GGTACCGTCAAGCTGAAAAC  
SEQ ID No. 415: 5'-TGCCTCACTTCACCCGAAGA  
SEQ ID No. 416: 5'-GGCCGGCCAGTCTCTCAACT  
SEQ ID No. 417: 5'-GGTAAGGTACCGTCAAGCTG  
SEQ ID No. 418: 5'-GTAAGGTACCGTCAAGCTGA  
SEQ ID No. 419: 5'-AACCCTTCATCACACACG  
SEQ ID No. 420: 5'-CGAAACCCTTCATCACAC  
SEQ ID No. 421: 5'-ACCCTTCATCACACACGC  
SEQ ID No. 422: 5'-TACCGTCACACACTGAAC  
SEQ ID No. 423: 5'-AGATACCGTCACACACTG  
SEQ ID No. 424: 5'-CACTCAAGGGCGGAAACC  
SEQ ID No. 425: 5'-ACCGTCACACACTGAACA  
SEQ ID No. 426: 5'-CGTCACACACTGAACAGT  
SEQ ID No. 427: 5'-CCGAAACCCTTCATCACA  
SEQ ID No. 428: 5'-CCGTCACACACTGAACAG  
SEQ ID No. 429: 5'-GATACCGTCACACACTGA  
SEQ ID No. 430: 5'-GGTAAGATAACCGTCACAC  
SEQ ID No. 431: 5'-CCCTTCATCACACACGCG  
SEQ ID No. 432: 5'-ACAGTGTTTTACGAGCCG  
SEQ ID No. 433: 5'-CAGTGTTTTACGAGCCGA  
SEQ ID No. 434: 5'-ACAAAGCGTTCGACTTGC  
SEQ ID No. 435: 5'-CGGATAACGCTTGGAACA  
SEQ ID No. 436: 5'-AGGGCGGAAACCCTCGAA  
SEQ ID No. 437: 5'-GGGCGGAAACCCTCGAAC  
SEQ ID No. 438: 5'-GGCGGAAACCCTCGAACA  
SEQ ID No. 439: 5'-TGAGGGCTTTCACTTCAG  
SEQ ID No. 440: 5'-AGGGCTTTCACTTCAGAC  
SEQ ID No. 441: 5'-GAGGGCTTTCACTTCAGA

SEQ ID No. 442: 5'- ACTGCACTCAAGTCATCC  
SEQ ID No. 443: 5'- CCGGATAACGCTTGGAAC  
SEQ ID No. 444: 5'- TCCGGATAACGCTTGGA  
SEQ ID No. 445: 5'- TATCCCCTGCTAAGAGGT  
SEQ ID No. 446: 5'- CCTGCTAAGAGGTAGGTT  
SEQ ID No. 447: 5'- CCCTGCTAAGAGGTAGGT  
SEQ ID No. 448: 5'- CCCCTGCTAAGAGGTAGG  
SEQ ID No. 449: 5'- TCCCCTGCTAAGAGGTAG  
SEQ ID No. 450: 5'- ATCCCCTGCTAAGAGGTA  
SEQ ID No. 451: 5'- CCGTTCCTTTCTGGTAAG  
SEQ ID No. 452: 5'- GCCGTTCCTTTCTGGTAA  
SEQ ID No. 453: 5'- AGCCGTTCCTTTCTGGTA  
SEQ ID No. 454: 5'- GCACGTATTTAGCCGTTCC  
SEQ ID No. 455: 5'- CACGTATTTAGCCGTTCC  
SEQ ID No. 456: 5'- GGCACGTATTTAGCCGTT  
SEQ ID No. 457: 5'- CACTTTCCTCTACTGCAC  
SEQ ID No. 458: 5'- CCACTTTCCTCTACTGCA  
SEQ ID No. 459: 5'- TCCACTTTCCTCTACTGC  
SEQ ID No. 460: 5'- CTTTCCTCTACTGCACTC  
SEQ ID No. 461: 5'- TAGCCGTTCTTTCTGGT  
SEQ ID No. 462: 5'- TTAGCCGTTCTTTCTGG  
SEQ ID No. 463: 5'- TTATCCCCTGCTAAGAGG  
SEQ ID No. 464: 5'- GTTATCCCCTGCTAAGAG  
SEQ ID No. 465: 5'- CCCGTTCGCCACTCTTTG  
SEQ ID No. 466: 5'- AGCTGAGGGCTTTCACTT  
SEQ ID No. 467: 5'- GAGCTGAGGGCTTTCACT  
SEQ ID No. 468: 5'- GCTGAGGGCTTTCACTTC  
SEQ ID No. 469: 5'- CTGAGGGCTTTCACTTCA

SEQ ID No. 470: 5' CCCGTGTCCCGAAGGAAC  
SEQ ID No. 471: 5' GCACGAGTATGTCAAGAC  
SEQ ID No. 472: 5' GTATCCCGTGTCCCGAAG  
SEQ ID No. 473: 5' TCCCGTGTCCCGAAGGAA  
SEQ ID No. 474: 5' ATCCCGTGTCCCGAAGGA  
SEQ ID No. 475: 5' TATCCCGTGTCCCGAAGG  
SEQ ID No. 476: 5' CTTACCTTAGGAAGCGCC  
SEQ ID No. 477: 5' TTACCTTAGGAAGCGCCC  
SEQ ID No. 478: 5' CCTGTATCCCGTGTCCCG  
SEQ ID No. 479: 5' CCACCTGTATCCCGTGTC  
SEQ ID No. 480: 5' CACCTGTATCCCGTGTCC  
SEQ ID No. 481: 5' ACCTGTATCCCGTGTCCC  
SEQ ID No. 482: 5' CTGTATCCCGTGTCCCGA  
SEQ ID No. 483: 5' TGTATCCCGTGTCCCGAA  
SEQ ID No. 484: 5' CACGAGTATGTCAAGACC  
SEQ ID No. 485: 5' CGGTCTTACCTTAGGAAG  
SEQ ID No. 486: 5' TAGGAAGCGCCCTCCTTG  
SEQ ID No. 487: 5' AGGAAGCGCCCTCCTTGC  
SEQ ID No. 488: 5' TTAGGAAGCGCCCTCCTT  
SEQ ID No. 489: 5' CTTAGGAAGCGCCCTCCT  
SEQ ID No. 490: 5' CCTTAGGAAGCGCCCTCC  
SEQ ID No. 491: 5' ACCTTAGGAAGCGCCCTC  
SEQ ID No. 492: 5' TGCACACAATGGTTGAGC  
SEQ ID No. 493: 5' TACCTTAGGAAGCGCCCT  
SEQ ID No. 494: 5' ACCACCTGTATCCCGTGT  
SEQ ID No. 495: 5' GCACCACCTGTATCCCGT  
SEQ ID No. 496: 5' CACCACCTGTATCCCGTG  
SEQ ID No. 497: 5' GCGGTTAGGCAACCTACT

SEQ ID No. 498: 5' TGCGGTTAGGCAACCTAC  
SEQ ID No. 499: 5' TTGCGGTTAGGCAACCTA  
SEQ ID No. 500: 5' GGTCTTACCTTAGGAAGC  
SEQ ID No. 501: 5' GCTAATACAACGCGGGAT  
SEQ ID No. 502: 5' CTAATACAACGCGGGATC  
SEQ ID No. 503: 5' ATACAACGCGGGATCATC  
SEQ ID No. 504: 5' CGGTTAGGCAACCTACTT  
SEQ ID No. 505: 5' TGCACCACCTGTATCCCG  
SEQ ID No. 506: 5' GAAGCGCCCTCCTTGCGG  
SEQ ID No. 507: 5' GGAAGCGCCCTCCTTGCG  
SEQ ID No. 508: 5' CGTCCCTTTCTGGTTAGA  
SEQ ID No. 509: 5' AGCTAATACAACGCGGGA  
SEQ ID No. 510: 5' TAGCTAATACAACGCGGG  
SEQ ID No. 511: 5' CTAGCTAATACAACGCGG  
SEQ ID No. 512: 5' GGCTATGTATCATCGCCT  
SEQ ID No. 513: 5' GAGCCACTGCCTTTTACA  
SEQ ID No. 514: 5' GTCGGCTATGTATCATCG  
SEQ ID No. 515: 5' GGTCGGCTATGTATCATC  
SEQ ID No. 516: 5' CAGGTCGGCTATGTATCA  
SEQ ID No. 517: 5' CGGCTATGTATCATCGCC  
SEQ ID No. 518: 5' TCGGCTATGTATCATCGC  
SEQ ID No. 519: 5' GTCTTACCTTAGGAAGCG  
SEQ ID No. 520: 5' TCTTACCTTAGGAAGCGC  
SEQ ID No. 521: 5'- GTACAAACCGCCTACACGCC  
SEQ ID No. 522: 5'- TGTACAAACCGCCTACACGC  
SEQ ID No. 523: 5'- GATCAGCACGATGTCGCCAT  
SEQ ID No. 524: 5'- CTGTACAAACCGCCTACACG  
SEQ ID No. 525: 5'- GAGATCAGCACGATGTCGCC

SEQ ID No. 526: 5'- AGATCAGCACGATGTCGCCA  
SEQ ID No. 527: 5'- ATCAGCACGATGTCGCCATC  
SEQ ID No. 528: 5'- TCAGCACGATGTCGCCATCT  
SEQ ID No. 529: 5'- ACTGTACAAACCGCCTACAC  
SEQ ID No. 530: 5'- CCGCCACTAAGGCCGAAACC  
SEQ ID No. 531: 5'- CAGCACGATGTCGCCATCTA  
SEQ ID No. 532: 5'- TACAAACCGCCTACACGCCC  
SEQ ID No. 533: 5'- AGCACGATGTCGCCATCTAG  
SEQ ID No. 534: 5'- CGGCTTTTAGAGATCAGCAC  
SEQ ID No. 535: 5'- TCCGCCACTAAGGCCGAAAC  
SEQ ID No. 536: 5'- GACTGTACAAACCGCCTACA  
SEQ ID No. 537: 5'- GTCCGCCACTAAGGCCGAAA  
SEQ ID No. 538: 5'- GGGGATTTACATCTGACTG  
SEQ ID No. 539: 5'- CATACAAGCCCTGGTAAGGT  
SEQ ID No. 540: 5'- ACAAGCCCTGGTAAGGTTCT  
SEQ ID No. 541: 5'- ACAAACCGCCTACACGCCCT  
SEQ ID No. 542: 5'- CTGACTGTACAAACCGCCTA  
SEQ ID No. 543: 5'- TGACTGTACAAACCGCCTAC  
SEQ ID No. 544: 5'- ACGATGTCGCCATCTAGCTT  
SEQ ID No. 545: 5'- CACGATGTCGCCATCTAGCT  
SEQ ID No. 546: 5'- CGATGTCGCCATCTAGCTTC  
SEQ ID No. 547: 5'- GCACGATGTCGCCATCTAGC  
SEQ ID No. 548: 5'- GATGTCGCCATCTAGCTTCC  
SEQ ID No. 549: 5'- ATGTCGCCATCTAGCTTCCC  
SEQ ID No. 550: 5'- TGTCGCCATCTAGCTTCCCA  
SEQ ID No. 551: 5'- GCCATCTAGCTTCCCAGTGT  
SEQ ID No. 552: 5'- TCGCCATCTAGCTTCCCAGT  
SEQ ID No. 553: 5'- CGCCATCTAGCTTCCCAGT



SEQ ID No. 554: 5'- GTCGCCATCTAGCTTCCCAC  
SEQ ID No. 555: 5'- TACAAGCCCTGGTAAGGTTC  
SEQ ID No. 556: 5'- GCCACTAAGGCCGAAACCTT  
SEQ ID No. 557: 5'- ACTAAGGCCGAAACCTTCGT  
SEQ ID No. 558: 5'- CTAAGGCCGAAACCTTCGTG  
SEQ ID No. 559: 5'- CACTAAGGCCGAAACCTTCG  
SEQ ID No. 560: 5'- AAGGCCGAAACCTTCGTGCG  
SEQ ID No. 561: 5'- CCACTAAGGCCGAAACCTTC  
SEQ ID No. 562: 5'- TAAGGCCGAAACCTTCGTGC  
SEQ ID No. 563: 5'- AGGCCGAAACCTTCGTGCGA  
SEQ ID No. 564: 5'- TCTGACTGTACAAACCGCCT  
SEQ ID No. 565: 5'- CATCTGACTGTACAAACCGC  
SEQ ID No. 566: 5'- ATCTGACTGTACAAACCGCC  
SEQ ID No. 567: 5'- CTTCGTGCGACTTG CATGTG  
SEQ ID No. 568: 5'- CCTTCGTGCGACTTG CATGT  
SEQ ID No. 569: 5'- CTCTCTAGAGTGCCCAACCA  
SEQ ID No. 570: 5'- TCTCTAGAGTGCCCAACCAA  
SEQ ID No. 571: 5'- ACGTATCAAATGCAGCTCCC  
SEQ ID No. 572: 5'- CGTATCAAATGCAGCTCCCA  
SEQ ID No. 573: 5'- CGCCACTAAGGCCGAAACCT  
SEQ ID No. 574: 5'- CCGAAACCTTCGTGCGACTT  
SEQ ID No. 575: 5'- GCCGAAACCTTCGTGCGACT  
SEQ ID No. 576: 5'- AACCTTCGTGCGACTTG CAT  
SEQ ID No. 577: 5'- CGAAACCTTCGTGCGACTTG  
SEQ ID No. 578: 5'- ACCTTCGTGCGACTTG CATG  
SEQ ID No. 579: 5'- GAAACCTTCGTGCGACTTG C  
SEQ ID No. 580: 5'- GGCCGAAACCTTCGTGCGAC  
SEQ ID No. 581: 5'- AAACCTTCGTGCGACTTGCA

SEQ ID No. 582: 5'- CACGTATCAAATGCAGCTCC  
SEQ ID No. 583: 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA  
SEQ ID No. 584: 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA  
SEQ ID No. 585: 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC  
SEQ ID No. 586: 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA  
SEQ ID No. 587: 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG  
SEQ ID No. 588: 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA  
SEQ ID No. 589: 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA  
SEQ ID No. 590: 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC  
SEQ ID No. 591: 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA  
SEQ ID No. 592: 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG  
SEQ ID No. 593: 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC  
SEQ ID No. 594: 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA  
SEQ ID No. 595: 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT  
SEQ ID No. 596: 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT  
SEQ ID No. 597: 5'- AACCCTCTCTCACACTCTAG  
SEQ ID No. 598: 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC  
SEQ ID No. 599: 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC  
SEQ ID No. 600: 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA  
SEQ ID No. 601: 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT  
SEQ ID No. 602: 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG  
SEQ ID No. 603: 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG  
SEQ ID No. 604: 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT  
SEQ ID No. 605: 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC  
SEQ ID No. 606: 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT  
SEQ ID No. 607: 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC  
SEQ ID No. 608: 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA  
SEQ ID No. 609: 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT

SEQ ID No. 610: 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG  
SEQ ID No. 611: 5'- GGTTGCTCACCGGCTTAAG  
SEQ ID No. 612: 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC  
SEQ ID No. 613: 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT  
SEQ ID No. 614: 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC  
SEQ ID No. 615: 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC  
SEQ ID No. 616: 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC  
SEQ ID No. 617: 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC  
SEQ ID No. 618: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT  
SEQ ID No. 619: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTC  
SEQ ID No. 620: 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG  
SEQ ID No. 621: 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC  
SEQ ID No. 622: 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA  
SEQ ID No. 623: 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC  
SEQ ID No. 624: 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA  
SEQ ID No. 625: 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT  
SEQ ID No. 626: 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC  
SEQ ID No. 627: 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG  
SEQ ID No. 628: 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG  
SEQ ID No. 629: 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG  
SEQ ID No. 630: 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC  
SEQ ID No. 631: 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA  
SEQ ID No. 632: 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG  
SEQ ID No. 633: 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG  
SEQ ID No. 634: 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT  
SEQ ID No. 635: 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG  
SEQ ID No. 636: 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC  
SEQ ID No. 637: 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT

SEQ ID No. 638: 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT  
SEQ ID No. 639: 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT  
SEQ ID No. 640: 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT  
SEQ ID No. 641: 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG  
SEQ ID No. 642: 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG  
SEQ ID No. 643: 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG  
SEQ ID No. 644: 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC  
SEQ ID No. 645: 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC  
SEQ ID No. 646: 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA  
SEQ ID No. 647: 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA  
SEQ ID No. 648: 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT  
SEQ ID No. 649: 5'- AGTTATCCCCCACCCTATGGA  
SEQ ID No. 650: 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT  
SEQ ID No. 651: 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC  
SEQ ID No. 652: 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT  
SEQ ID No. 653: 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG  
SEQ ID No. 654: 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG  
SEQ ID No. 655: 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT  
SEQ ID No. 656: 5'- TTCGTGCGACTTGTCATGTGT  
SEQ ID No. 657: 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG  
SEQ ID No. 658: 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG  
SEQ ID No. 659: 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT  
SEQ ID No. 660: 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT  
SEQ ID No. 661: 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT  
SEQ ID No. 662: 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG  
SEQ ID No. 663: 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC  
SEQ ID No. 664: 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC  
SEQ ID No. 665: 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG

SEQ ID No. 666: 5'- GCTCACCGGCTTAAGGTCAA  
SEQ ID No. 667: 5'- CGCTCACCGGCTTAAGGTCA  
SEQ ID No. 668: 5'- TCGCTCACCGGCTTAAGGTC  
SEQ ID No. 669: 5'- CTCACCGGCTTAAGGTCAAA  
SEQ ID No. 670: 5'- CCCGACCGTGGTCGGCTGCG  
SEQ ID No. 671: 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC  
SEQ ID No. 672: 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA  
SEQ ID No. 673: 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT  
SEQ ID No. 674: 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT  
SEQ ID No. 675: 5'- AACCTCTCTCTCACACTCTAG  
SEQ ID No. 676: 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC  
SEQ ID No. 677: 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC  
SEQ ID No. 678: 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA  
SEQ ID No. 679: 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT  
SEQ ID No. 680: 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG  
SEQ ID No. 681: 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG  
SEQ ID No. 682: 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT  
SEQ ID No. 683: 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC  
SEQ ID No. 684: 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT  
SEQ ID No. 685: 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC  
SEQ ID No. 686: 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA  
SEQ ID No. 687: 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT  
SEQ ID No. 688: 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG  
SEQ ID No. 689: 5'- GGTTGCTCACCGGCTTAAG  
SEQ ID No. 690: 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC  
SEQ ID No. 691: 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT  
SEQ ID No. 692: 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC  
SEQ ID No. 693: 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC

SEQ ID No. 694: 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC  
SEQ ID No. 695: 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC  
SEQ ID No. 696: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT  
SEQ ID No. 697: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTC  
SEQ ID No. 698: 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG  
SEQ ID No. 699: 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC  
SEQ ID No. 700: 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA  
SEQ ID No. 701: 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC  
SEQ ID No. 702: 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA  
SEQ ID No. 703: 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT  
SEQ ID No. 704: 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC  
SEQ ID No. 705: 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG  
SEQ ID No. 706: 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG  
SEQ ID No. 707: 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG  
SEQ ID No. 708: 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC  
SEQ ID No. 709: 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA  
SEQ ID No. 710: 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG  
SEQ ID No. 711: 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG  
SEQ ID No. 712: 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT  
SEQ ID No. 713: 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG  
SEQ ID No. 714: 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC  
SEQ ID No. 715: 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT  
SEQ ID No. 716: 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT  
SEQ ID No. 717: 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT  
SEQ ID No. 718: 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT  
SEQ ID No. 719: 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG  
SEQ ID No. 720: 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG  
SEQ ID No. 721: 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG

SEQ ID No. 722: 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC  
SEQ ID No. 723: 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC  
SEQ ID No. 724: 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA  
SEQ ID No. 725: 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA  
SEQ ID No. 726: 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT  
SEQ ID No. 727: 5'- AGTTATCCCCCACCCTATGGA  
SEQ ID No. 728: 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT  
SEQ ID No. 729: 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC  
SEQ ID No. 730: 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT  
SEQ ID No. 731: 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG  
SEQ ID No. 732: 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG  
SEQ ID No. 733: 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT  
SEQ ID No. 734: 5'- TTCGTGCGACTTGCGCATGTGT  
SEQ ID No. 735: 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG  
SEQ ID No. 736: 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG  
SEQ ID No. 737: 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT  
SEQ ID No. 738: 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT  
SEQ ID No. 739: 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT  
SEQ ID No. 740: 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG  
SEQ ID No. 741: 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC  
SEQ ID No. 742: 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC  
SEQ ID No. 743: 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG  
SEQ ID No. 744: 5'- TCACCGGCTTAAGGTCAAAC  
SEQ ID No. 745: 5'- CAACCCTCTCTCACACTCTA  
SEQ ID No. 746: 5'- ACAACCCTCTCTCACACTCT  
SEQ ID No. 747: 5'- CCACAACCCTCTCTCACACT  
SEQ ID No. 748: 5'- AACCCTCTCTCACACTCTAG  
SEQ ID No. 749: 5'- CACAACCCTCTCTCACACTC

SEQ ID No. 750: 5'- TCCACAACCCTCTCTCACAC  
SEQ ID No. 751: 5'- TTCCACAACCCTCTCTCACA  
SEQ ID No. 752: 5'- ACCCTCTCTCACACTCTAGT  
SEQ ID No. 753: 5'- GAGCCAGGTTGCCGCCTTCG  
SEQ ID No. 754: 5'- AGGTCAAACCAACTCCCATG  
SEQ ID No. 755: 5'- ATGAGCCAGGTTGCCGCCTT  
SEQ ID No. 756: 5'- TGAGCCAGGTTGCCGCCTTC  
SEQ ID No. 757: 5'- AGGCTCCTCCACAGGCGACT  
SEQ ID No. 758: 5'- CAGGCTCCTCCACAGGCGAC  
SEQ ID No. 759: 5'- GCAGGCTCCTCCACAGGCGA  
SEQ ID No. 760: 5'- TTCGCTCACCGGCTTAAGGT  
SEQ ID No. 761: 5'- GTTCGCTCACCGGCTTAAGG  
SEQ ID No. 762: 5'- GGTTCGCTCACCGGCTTAAG  
SEQ ID No. 763: 5'- ATTCCACAACCCTCTCTCAC  
SEQ ID No. 764: 5'- TGACCCGACCGTGGTCGGCT  
SEQ ID No. 765: 5'- CCCTCTCTCACACTCTAGTC  
SEQ ID No. 766: 5'- GAATTCCACAACCCTCTCTC  
SEQ ID No. 767: 5'- AGCCAGGTTGCCGCCTTCGC  
SEQ ID No. 768: 5'- GCCAGGTTGCCGCCTTCGCC  
SEQ ID No. 769: 5'- GGAATTCCACAACCCTCTCT  
SEQ ID No. 770: 5'- GGGAATTCCACAACCCTCTC  
SEQ ID No. 771: 5'- AACGCAGGCTCCTCCACAGG  
SEQ ID No. 772: 5'- CGGCTTAAGGTCAAACCAAC  
SEQ ID No. 773: 5'- CCGGCTTAAGGTCAAACCAA  
SEQ ID No. 774: 5'- CACCGGCTTAAGGTCAAACC  
SEQ ID No. 775: 5'- ACCGGCTTAAGGTCAAACCA  
SEQ ID No. 776: 5'- ACCCAACATCCAGCACACAT  
SEQ ID No. 777: 5'- TCGCTGACCCGACCGTGGTC



SEQ ID No. 778: 5'- CGCTGACCCGACCGTGGTCG  
SEQ ID No. 779: 5'- GACCCGACCGTGGTCGGCTG  
SEQ ID No. 780: 5'- GCTGACCCGACCGTGGTCGG  
SEQ ID No. 781: 5'- CTGACCCGACCGTGGTCGGC  
SEQ ID No. 782: 5'- CAGGCGACTTGCGCCTTTGA  
SEQ ID No. 783: 5'- TCATGCGGTATTAGCTCCAG  
SEQ ID No. 784: 5'- ACTAGCTAATCGAACGCAGG  
SEQ ID No. 785: 5'- CATGCGGTATTAGCTCCAGT  
SEQ ID No. 786: 5'- CGCAGGCTCCTCCACAGGCG  
SEQ ID No. 787: 5'- ACGCAGGCTCCTCCACAGGC  
SEQ ID No. 788: 5'- CTCAGGTGTCATGCGGTATT  
SEQ ID No. 789: 5'- CGCCTTTGACCCTCAGGTGT  
SEQ ID No. 790: 5'- ACCCTCAGGTGTCATGCGGT  
SEQ ID No. 791: 5'- CCTCAGGTGTCATGCGGTAT  
SEQ ID No. 792: 5'- TTTGACCCTCAGGTGTCATG  
SEQ ID No. 793: 5'- GACCCTCAGGTGTCATGCGG  
SEQ ID No. 794: 5'- TGACCCTCAGGTGTCATGCG  
SEQ ID No. 795: 5'- GCCTTTGACCCTCAGGTGTC  
SEQ ID No. 796: 5'- TTGACCCTCAGGTGTCATGC  
SEQ ID No. 797: 5'- CCCTCAGGTGTCATGCGGTA  
SEQ ID No. 798: 5'- CCTTTGACCCTCAGGTGTCA  
SEQ ID No. 799: 5'- CTTTGACCCTCAGGTGTCAT  
SEQ ID No. 800: 5'- AGTTATCCCCCACCCTATGGA  
SEQ ID No. 801: 5'- CCAGCTATCGATCATCGCCT  
SEQ ID No. 802: 5'- ACCAGCTATCGATCATCGCC  
SEQ ID No. 803: 5'- CAGCTATCGATCATCGCCTT  
SEQ ID No. 804: 5'- AGCTATCGATCATCGCCTTG  
SEQ ID No. 805: 5'- GCTATCGATCATCGCCTTGG

SEQ ID No. 806: 5'- CTATCGATCATCGCCTTGGT  
SEQ ID No. 807: 5'- TTCGTGCGACTTGCA TGTGT  
SEQ ID No. 808: 5'- TCGATCATCGCCTTGGTAGG  
SEQ ID No. 809: 5'- ATCGATCATCGCCTTGGTAG  
SEQ ID No. 810: 5'- CACAGGCGACTTGCGCCTTT  
SEQ ID No. 811: 5'- CCACAGGCGACTTGCGCCTT  
SEQ ID No. 812: 5'- TCCACAGGCGACTTGCGCCT  
SEQ ID No. 813: 5'- TCCTCCACAGGCGACTTGCG  
SEQ ID No. 814: 5'- CCTCCACAGGCGACTTGCGC  
SEQ ID No. 815: 5'- CTCCACAGGCGACTTGCGCC  
SEQ ID No. 816: 5'- ACAGGCGACTTGCGCCTTTG  
SEQ ID No. 817: 5'- AGCCCCGGTTTCCCGGCGTT  
SEQ ID No. 818: 5'- CGCCTTTCCTTTTTCCTCCA  
SEQ ID No. 819: 5'- GCCCCGGTTTCCCGGCGTTA  
SEQ ID No. 820: 5'- GCCGCCTTTCCTTTTTCCTC  
SEQ ID No. 821: 5'- TAGCCCCGGTTTCCCGGCGT  
SEQ ID No. 822: 5'- CCGGGTACCGTCAAGGCGCC  
SEQ ID No. 823: 5'- AAGCCGCCTTTCCTTTTTC  
SEQ ID No. 824: 5'- CCCCGGTTTCCCGGCGTTAT  
SEQ ID No. 825: 5'- CCGGCGTTATCCCAGTCTTA  
SEQ ID No. 826: 5'- AGCCGCCTTTCCTTTTTCCT  
SEQ ID No. 827: 5'- CCGCCTTTCCTTTTTCCTCC  
SEQ ID No. 828: 5'- TTAGCCCCGGTTTCCCGGCG  
SEQ ID No. 829: 5'- CCCGGCGTTATCCCAGTCTT  
SEQ ID No. 830: 5'- GCCGGGTACCGTCAAGGCGC  
SEQ ID No. 831: 5'- GGCCGGGTACCGTCAAGGCG  
SEQ ID No. 832: 5'- TCCCGGCGTTATCCCAGTCT  
SEQ ID No. 833: 5'- TGGCCGGGTACCGTCAAGGC

SEQ ID No. 834: 5'- GAAGCCGCCTTTCCTTTTTC  
SEQ ID No. 835: 5'- CCCGGTTTCCCGGCGTTATC  
SEQ ID No. 836: 5'- CGGCGTTATCCCAGTCTTAC  
SEQ ID No. 837: 5'- GGC GTTATCCCAGTCTTACA  
SEQ ID No. 838: 5'- GCGTTATCCCAGTCTTACAG  
SEQ ID No. 839: 5'- CGGGTACCGTCAAGGCGCCG  
SEQ ID No. 840: 5'- ATTAGCCCCGGTTTCCCGGC  
SEQ ID No. 841: 5'- AAGGGGAAGGCCCTGTCTCC  
SEQ ID No. 842: 5'- GGCCCTGTCTCCAGGGAGGT  
SEQ ID No. 843: 5'- AGGCCCTGTCTCCAGGGAGG  
SEQ ID No. 844: 5'- AAGGCCCTGTCTCCAGGGAG  
SEQ ID No. 845: 5'- GCCCTGTCTCCAGGGAGGTC  
SEQ ID No. 846: 5'- CGTTATCCCAGTCTTACAGG  
SEQ ID No. 847: 5'- GGGTACCGTCAAGGCGCCGC  
SEQ ID No. 848: 5'- CGGCAACAGAGTTTTACGAC  
SEQ ID No. 849: 5'- GGGGAAGGCCCTGTCTCCAG  
SEQ ID No. 850: 5'- AGGGGAAGGCCCTGTCTCCA  
SEQ ID No. 851: 5'- GCAGCCGAAGCCGCCTTTCC  
SEQ ID No. 852: 5'- TTCTTCCCCGGCAACAGAGT  
SEQ ID No. 853: 5'- CGGCACTTGTTCTTCCCCGG  
SEQ ID No. 854: 5'- GTTCTTCCCCGGCAACAGAG  
SEQ ID No. 855: 5'- GGCACTTGTTCTTCCCCGGC  
SEQ ID No. 856: 5'- GCACTTGTTCTTCCCCGGCA  
SEQ ID No. 857: 5'- CACTTGTTCTTCCCCGGCAA  
SEQ ID No. 858: 5'- TCTTCCCCGGCAACAGAGTT  
SEQ ID No. 859: 5'- TTGTTCTTCCCCGGCAACAG  
SEQ ID No. 860: 5'- ACTTGTTCTTCCCCGGCAAC  
SEQ ID No. 861: 5'- TGTTCTTCCCCGGCAACAGA

SEQ ID No. 862: 5'- CTTGTTCTTCCCCGGCAACA  
SEQ ID No. 863: 5'- ACGGCACTTGTTCTTCCCCG  
SEQ ID No. 864: 5'- GTCCGCCGCTAACCTTTTAA  
SEQ ID No. 865: 5'- CTGGCCGGGTACCGTCAAGG  
SEQ ID No. 866: 5'- TCTGGCCGGGTACCGTCAAG  
SEQ ID No. 867: 5'- TTCTGGCCGGGTACCGTCAA  
SEQ ID No. 868: 5'- CAATGCTGGCAACTAAGGTC  
SEQ ID No. 869: 5'- CGTCCGCCGCTAACCTTTTA  
SEQ ID No. 870: 5'- CGAAGCCGCCTTTCCTTTTT  
SEQ ID No. 871: 5'- CCGAAGCCGCCTTTCCTTTT  
SEQ ID No. 872: 5'- GCCGAAGCCGCCTTTCCTTT  
SEQ ID No. 873: 5'- AGCCGAAGCCGCCTTTCCTT  
SEQ ID No. 874: 5'- ACCGTCAAGGCGCCGCCCTG  
SEQ ID No. 875: 5'- CCGTGGCTTTCTGGCCGGGT  
SEQ ID No. 876: 5'- GCTTTCTGGCCGGGTACCGT  
SEQ ID No. 877: 5'- GCCGTGGCTTTCTGGCCGGG  
SEQ ID No. 878: 5'- GGCTTTCTGGCCGGGTACCG  
SEQ ID No. 879: 5'- CTTTCTGGCCGGGTACCGTC  
SEQ ID No. 880: 5'- TGGCTTTCTGGCCGGGTACC  
SEQ ID No. 881: 5'- GTGGCTTTCTGGCCGGGTAC  
SEQ ID No. 882: 5'- CGTGGCTTTCTGGCCGGGTA  
SEQ ID No. 883: 5'- TTTCTGGCCGGGTACCGTCA  
SEQ ID No. 884: 5'- GGGAAGGCCCTGTCTCCAGG  
SEQ ID No. 885: 5'- CGAAGGGGAAGGCCCTGTCT  
SEQ ID No. 886: 5'- CCGAAGGGGAAGGCCCTGTC  
SEQ ID No. 887: 5'- GAAGGGGAAGGCCCTGTCTC  
SEQ ID No. 888: 5'- GGCGCCGCCCTGTTTGAACG  
SEQ ID No. 889: 5'- AGGCGCCGCCCTGTTTGAAC

SEQ ID No. 890: 5'- AAGGCGCCGCCCTGTTCGAA  
SEQ ID No. 891: 5'- CCCGGCAACAGAGTTTTACG  
SEQ ID No. 892: 5'- CCCC GGCAACAGAGTTTTAC  
SEQ ID No. 893: 5'- CCATCTGTAAGTGGCAGCCG  
SEQ ID No. 894: 5'- TCTGTAAGTGGCAGCCGAAG  
SEQ ID No. 895: 5'- CTGTAAGTGGCAGCCGAAGC  
SEQ ID No. 896: 5'- CCCATCTGTAAGTGGCAGCC  
SEQ ID No. 897: 5'- TGTAAGTGGCAGCCGAAGCC  
SEQ ID No. 898: 5'- CATCTGTAAGTGGCAGCCGA  
SEQ ID No. 899: 5'- ATCTGTAAGTGGCAGCCGAA  
SEQ ID No. 900: 5'- CAGCCGAAGCCGCCTTTCCT  
SEQ ID No. 901: 5'- GGCAACAGAGTTTTACGACC  
SEQ ID No. 902: 5'- CCGGCAACAGAGTTTTACGA  
SEQ ID No. 903: 5'- TTCCCCGGCAACAGAGTTTT  
SEQ ID No. 904: 5'- CTTCCCCGGCAACAGAGTTT  
SEQ ID No. 905: 5'- TCCCCGGCAACAGAGTTTTA  
SEQ ID No. 906: 5'- CCGTCCGCCGCTAACCTTTT  
SEQ ID No. 907: 5'- CTCCTCCGACTTACGCCGG  
SEQ ID No. 908: 5'- CCTCCGACTTACGCCGGCAG  
SEQ ID No. 909: 5'- TTCCTCCGACTTACGCCGGC  
SEQ ID No. 910: 5'- TCCTCCGACTTACGCCGGCA  
SEQ ID No. 911: 5'- TCCGACTTACGCCGGCAGTC  
SEQ ID No. 912: 5'- CCGACTTACGCCGGCAGTCA  
SEQ ID No. 913: 5'- GCCTTCCTCCGACTTACGCC  
SEQ ID No. 914: 5'- CCTTCCTCCGACTTACGCCG  
SEQ ID No. 915: 5'- GCTCTCCCCGAGCAACAGAG  
SEQ ID No. 916: 5'- CTCTCCCCGAGCAACAGAGC  
SEQ ID No. 917: 5'- CGCTCTCCCCGAGCAACAGA

SEQ ID No. 918: 5'- CTCCGACTTACGCCGGCAGT  
SEQ ID No. 919: 5'- TCTCCCCGAGCAACAGAGCT  
SEQ ID No. 920: 5'- CGACTTACGCCGGCAGTCAC  
SEQ ID No. 921: 5'- TCGGCACTGGGGTGTGTCCC  
SEQ ID No. 922: 5'- GGCACTGGGGTGTGTCCCCC  
SEQ ID No. 923: 5'- CTGGGGTGTGTCCCCCAAC  
SEQ ID No. 924: 5'- CACTGGGGTGTGTCCCCCA  
SEQ ID No. 925: 5'- ACTGGGGTGTGTCCCCCAA  
SEQ ID No. 926: 5'- GCACTGGGGTGTGTCCCCC  
SEQ ID No. 927: 5'- TGGGGTGTGTCCCCCAACA  
SEQ ID No. 928: 5'- CACTCCAGACTTGCTCGACC  
SEQ ID No. 929: 5'- TCACTCCAGACTTGCTCGAC  
SEQ ID No. 930: 5'- CGGCACTGGGGTGTGTCCCC  
SEQ ID No. 931: 5'- CGCCTTCCTCCGACTTACGC  
SEQ ID No. 932: 5'- CTCCCCGAGCAACAGAGCTT  
SEQ ID No. 933: 5'- ACTCCAGACTTGCTCGACCG  
SEQ ID No. 934: 5'- CCCATGCCGCTCTCCCCGAG  
SEQ ID No. 935: 5'- CCATGCCGCTCTCCCCGAGC  
SEQ ID No. 936: 5'- CCCCATGCCGCTCTCCCCGA  
SEQ ID No. 937: 5'- TCACTCGGTACCGTCTCGCA  
SEQ ID No. 938: 5'- CATGCCGCTCTCCCCGAGCA  
SEQ ID No. 939: 5'- ATGCCGCTCTCCCCGAGCAA  
SEQ ID No. 940: 5'- TTCGGCACTGGGGTGTGTCC  
SEQ ID No. 941: 5'- TGCCGCTCTCCCCGAGCAAC  
SEQ ID No. 942: 5'- TTCACTCCAGACTTGCTCGA  
SEQ ID No. 943: 5'- CCCGCAAGAAGATGCCTCCT  
SEQ ID No. 944: 5'- AGAAGATGCCTCCTCGCGGG  
SEQ ID No. 945: 5'- AAGAAGATGCCTCCTCGCGG

SEQ ID No. 946: 5'- CGCAAGAAGATGCCTCCTCG  
SEQ ID No. 947: 5'- AAGATGCCTCCTCGCGGGCG  
SEQ ID No. 948: 5'- CCGCAAGAAGATGCCTCCTC  
SEQ ID No. 949: 5'- GAAGATGCCTCCTCGCGGGC  
SEQ ID No. 950: 5'- CCCC GCAAGAAGATGCCTCC  
SEQ ID No. 951: 5'- CAAGAAGATGCCTCCTCGCG  
SEQ ID No. 952: 5'- TCCTTCGGCACTGGGGTGTG  
SEQ ID No. 953: 5'- CCGCTCTCCCCGAGCAACAG  
SEQ ID No. 954: 5'- TGCCTCCTCGCGGGCGTATC  
SEQ ID No. 955: 5'- GACTTACGCCGGCAGTCACC  
SEQ ID No. 956: 5'- GGCTCCTCTCTCAGCGGCCC  
SEQ ID No. 957: 5'- CCTTCGGCACTGGGGTGTGT  
SEQ ID No. 958: 5'- GGGGTGTGTCCCCCAACAC  
SEQ ID No. 959: 5'- GCCGCTCTCCCCGAGCAACA  
SEQ ID No. 960: 5'- AGATGCCTCCTCGCGGGCGT  
SEQ ID No. 961: 5'- CACTCGGTACCGTCTCGCAT  
SEQ ID No. 962: 5'- CTCACTCGGTACCGTCTCGC  
SEQ ID No. 963: 5'- GCAAGAAGATGCCTCCTCGC  
SEQ ID No. 964: 5'- CTCCAGACTTGCTCGACCGC  
SEQ ID No. 965: 5'- TTACGCCGGCAGTCACCTGT  
SEQ ID No. 966: 5'- CTTCGGCACTGGGGTGTGTC  
SEQ ID No. 967: 5'- CTCGCGGGCGTATCCGGCAT  
SEQ ID No. 968: 5'- GCCTCCTCGCGGGCGTATCC  
SEQ ID No. 969: 5'- ACTCGGTACCGTCTCGCATG  
SEQ ID No. 970: 5'- GATGCCTCCTCGCGGGCGTA  
SEQ ID No. 971: 5'- GGGTGTGTCCCCCAACACC  
SEQ ID No. 972: 5'- ACTTACGCCGGCAGTCACCT  
SEQ ID No. 973: 5'- CTTACGCCGGCAGTCACCTG

SEQ ID No. 974: 5'- ATGCCTCCTCGCGGGCGTAT  
SEQ ID No. 975: 5'- GCGCCGCGGGCTCCTCTCTC  
SEQ ID No. 976: 5'- GGTGTGTCCCCCAACACCT  
SEQ ID No. 977: 5'- GTGTGTCCCCCAACACCTA  
SEQ ID No. 978: 5'- CCTCGCGGGCGTATCCGGCA  
SEQ ID No. 979: 5'- CCTCACTCGGTACCGTCTCG  
SEQ ID No. 980: 5'- TCCTCACTCGGTACCGTCTC  
SEQ ID No. 981: 5'- TCGCGGGCGTATCCGGCATT  
SEQ ID No. 982: 5'- TTTCACTCCAGACTTGCTCG  
SEQ ID No. 983: 5'- TACGCCGGCAGTCACCTGTG  
SEQ ID No. 984: 5'- TCCAGACTTGCTCGACCGCC  
SEQ ID No. 985: 5'- CTCGGTACCGTCTCGCATGG  
SEQ ID No. 986: 5'- CGCGGGCGTATCCGGCATT  
SEQ ID No. 987: 5'- GCGTATCCGGCATTAGCGCC  
SEQ ID No. 988: 5'- GGGCTCCTCTCTCAGCGGCC  
SEQ ID No. 989: 5'- TCCCCGAGCAACAGAGCTTT  
SEQ ID No. 990: 5'- CCCCAGAGCAACAGAGCTTTA  
SEQ ID No. 991: 5'- CCGAGCAACAGAGCTTTACA  
SEQ ID No. 992: 5'- CCATCCCATGGTTGAGCCAT  
SEQ ID No. 993: 5'- GTGTCCCCCAACACCTAGC  
SEQ ID No. 994: 5'- GCGGGCGTATCCGGCATTAG  
SEQ ID No. 995: 5'- CGAGCGGCTTTTTGGGTTTC  
SEQ ID No. 996: 5'- CTTTCACTCCAGACTTGCTC  
SEQ ID No. 997: 5'- TTCCTTCGGCACTGGGGTGT  
SEQ ID No. 998: 5'- CCGCCTTCCTCCGACTTACG  
SEQ ID No. 999: 5'- CCCGCCTTCCTCCGACTTAC  
SEQ ID No. 1000: 5'- CCTCCTCGCGGGCGTATCCG  
SEQ ID No. 1001: 5'- TCCTCGCGGGCGTATCCGGC



SEQ ID No. 1002: 5'- CATTAGCGCCCGTTTCCGGG  
SEQ ID No. 1003: 5'- GCATTAGCGCCCGTTTCCGG  
SEQ ID No. 1004: 5'- GGCATTAGCGCCCGTTTCCG  
SEQ ID No. 1005: 5'- GTCTCGCATGGGGCTTTCCA  
SEQ ID No. 1006: 5'- GCCATGGACTTTCACTCCAG  
SEQ ID No. 1007: 5'- CATGGACTTTCACTCCAGAC  
SEQ ID No. 1011: 5'- ACCGTCTCACAAGGAGCTTT  
SEQ ID No. 1012: 5'- TACCGTCTCACAAGGAGCTT  
SEQ ID No. 1013: 5'- GTACCGTCTCACAAGGAGCT  
SEQ ID No. 1014: 5'- GCCTACCCGTGTATTATCCG  
SEQ ID No. 1015: 5'- CCGTCTCACAAGGAGCTTTC  
SEQ ID No. 1016: 5'- CTACCCGTGTATTATCCGGC  
SEQ ID No. 1017: 5'- GGTACCGTCTCACAAGGAGC  
SEQ ID No. 1018: 5'- CGTCTCACAAGGAGCTTTCC  
SEQ ID No. 1019: 5'- TCTCACAAGGAGCTTTCCAC  
SEQ ID No. 1020: 5'- TACCCGTGTATTATCCGGCA  
SEQ ID No. 1021: 5'- GTCTCACAAGGAGCTTTCCA  
SEQ ID No. 1022: 5'- ACCCGTGTATTATCCGGCAT  
SEQ ID No. 1023: 5'- CTCGGTACCGTCTCACAAGG  
SEQ ID No. 1024: 5'- CGGTACCGTCTCACAAGGAG  
SEQ ID No. 1025: 5'- ACTCGGTACCGTCTCACAAG  
SEQ ID No. 1026: 5'- CGGCTGGCTCCATAACGGTT  
SEQ ID No. 1027: 5'- ACAAGTAGATGCCTACCCGT  
SEQ ID No. 1028: 5'- TGGCTCCATAACGGTTACCT  
SEQ ID No. 1029: 5'- CAAGTAGATGCCTACCCGTG  
SEQ ID No. 1030: 5'- CACAAGTAGATGCCTACCCG  
SEQ ID No. 1031: 5'- GGCTCCATAACGGTTACCTC  
SEQ ID No. 1032: 5'- ACACAAGTAGATGCCTACCC

SEQ ID No. 1033: 5'- CTGGCTCCATAACGGTTACC  
SEQ ID No. 1034: 5'- GCTGGCTCCATAACGGTTAC  
SEQ ID No. 1035: 5'- GGCTGGCTCCATAACGGTTA  
SEQ ID No. 1036: 5'- GCTCCATAACGGTTACCTCA  
SEQ ID No. 1037: 5'- AAGTAGATGCCTACCCGTGT  
SEQ ID No. 1038: 5'- CTCCATAACGGTTACCTCAC  
SEQ ID No. 1039: 5'- TGCCTACCCGTGTATTATCC  
SEQ ID No. 1040: 5'- TCGGTACCGTCTCACAAGGA  
SEQ ID No. 1041: 5'- CTCACAAGGAGCTTTCCACT  
SEQ ID No. 1042: 5'- GTAGATGCCTACCCGTGTAT  
SEQ ID No. 1043: 5'- CCTACCCGTGTATTATCCGG  
SEQ ID No. 1044: 5'- CACTCGGTACCGTCTCACAA  
SEQ ID No. 1045: 5'- CTCAGCGATGCAGTTGCATC  
SEQ ID No. 1046: 5'- AGTAGATGCCTACCCGTGTA  
SEQ ID No. 1047: 5'- GCGGCTGGCTCCATAACGGT  
SEQ ID No. 1048: 5'- CCAAAGCAATCCCAAGGTTG  
SEQ ID No. 1049: 5'- TCCATAACGGTTACCTCACC  
SEQ ID No. 1050: 5'- CCCGTGTATTATCCGGCATT  
SEQ ID No. 1051: 5'- TCTCAGCGATGCAGTTGCAT  
SEQ ID No. 1052: 5'- CCATAACGGTTACCTCACCG  
SEQ ID No. 1053: 5'- TCAGCGATGCAGTTGCATCT  
SEQ ID No. 1054: 5'- GGCGGCTGGCTCCATAACGG  
SEQ ID No. 1055: 5'- AAGCAATCCCAAGGTTGAGC  
SEQ ID No. 1056: 5'- TCACTCGGTACCGTCTCACA  
SEQ ID No. 1057: 5'- CCGAGTGTTATTCCAGTCTG  
SEQ ID No. 1058: 5'- CACAAGGAGCTTTCCACTCT  
SEQ ID No. 1059: 5'- ACAAGGAGCTTTCCACTCTC  
SEQ ID No. 1060: 5'- TCACAAGGAGCTTTCCACTC

SEQ ID No. 1061: 5'- CAGCGATGCAGTTGCATCTT  
SEQ ID No. 1062: 5'- CAAGGAGCTTTCCACTCTCC  
SEQ ID No. 1063: 5'- CCAGTCTGAAAGGCAGATTG  
SEQ ID No. 1064: 5'- CAGTCTGAAAGGCAGATTGC  
SEQ ID No. 1065: 5'- CGGCGGCTGGCTCCATAACG  
SEQ ID No. 1066: 5'- CCTCTCTCAGCGATGCAGTT  
SEQ ID No. 1067: 5'- CTCTCTCAGCGATGCAGTTG  
SEQ ID No. 1068: 5'- TCTCTCAGCGATGCAGTTGC  
SEQ ID No. 1069: 5'- CTCTCAGCGATGCAGTTGCA  
SEQ ID No. 1070: 5'- CAATCCCAAGGTTGAGCCTT  
SEQ ID No. 1071: 5'- AATCCCAAGGTTGAGCCTTG  
SEQ ID No. 1072: 5'- AGCAATCCCAAGGTTGAGCC  
SEQ ID No. 1073: 5'- CTCACTCGGTACCGTCTCAC  
SEQ ID No. 1074: 5'- GCAATCCCAAGGTTGAGCCT  
SEQ ID No. 1075: 5'- GCCTTGGACTTTCACCTCAG  
SEQ ID No. 1076: 5'- CATAACGGTTACCTCACCGA  
SEQ ID No. 1077: 5'- CTCCTCTCTCAGCGATGCAG  
SEQ ID No. 1078: 5'- TCGGCGGCTGGCTCCATAAC  
SEQ ID No. 1079: 5'- AGTCTGAAAGGCAGATTGCC  
SEQ ID No. 1080: 5'- TCCTCTCTCAGCGATGCAGT  
SEQ ID No. 1081: 5'- CCCAAGGTTGAGCCTTGGAC  
SEQ ID No. 1082: 5'- ATAACGGTTACCTCACCGAC  
SEQ ID No. 1083: 5'- TCCCAAGGTTGAGCCTTGGA  
SEQ ID No. 1084: 5'- ATTATCCGGCATTAGCACCC  
SEQ ID No. 1085: 5'- CTACGTGCTGGTAACACAGA  
SEQ ID No. 1086: 5'- GCCGCTAGCCCCGAAGGGCT  
SEQ ID No. 1087: 5'- CTAGCCCCGAAGGGCTCGCT  
SEQ ID No. 1088: 5'- CGCTAGCCCCGAAGGGCTCG

SEQ ID No. 1089: 5'- AGCCCCGAAGGGCTCGCTCG  
SEQ ID No. 1090: 5'- CCGCTAGCCCCGAAGGGCTC  
SEQ ID No. 1091: 5'- TAGCCCCGAAGGGCTCGCTC  
SEQ ID No. 1092: 5'- GCTAGCCCCGAAGGGCTCGC  
SEQ ID No. 1093: 5'- GCCCCGAAGGGCTCGCTCGA  
SEQ ID No. 1094: 5'- ATCCCAAGGTTGAGCCTTGG  
SEQ ID No. 1095: 5'- GAGCCTTGGACTTTCACTTC  
SEQ ID No. 1096: 5'- CAAGGTTGAGCCTTGGACTT  
SEQ ID No. 1097: 5'- GAGCTTCCACTCTCCTTGT  
SEQ ID No. 1098: 5'- CCAAGGTTGAGCCTTGGACT  
SEQ ID No. 1099: 5'- CGGGCTCCTCTCTCAGCGAT  
SEQ ID No. 1100: 5'- GGAGCTTCCACTCTCCTTG  
SEQ ID No. 1101: 5'- GGGCTCCTCTCTCAGCGATG  
SEQ ID No. 1102: 5'- TCTCCTTGTCGCTCTCCCCG  
SEQ ID No. 1103: 5'- TCCTTGTCGCTCTCCCCGAG  
SEQ ID No. 1104: 5'- AGCTTCCACTCTCCTTGTC  
SEQ ID No. 1105: 5'- CCACTCTCCTTGTCGCTCTC  
SEQ ID No. 1106: 5'- GGCTCCTCTCTCAGCGATGC  
SEQ ID No. 1107: 5'- CCTTGTCGCTCTCCCCGAGC  
SEQ ID No. 1108: 5'- CACTCTCCTTGTCGCTCTCC  
SEQ ID No. 1109: 5'- ACTCTCCTTGTCGCTCTCCC  
SEQ ID No. 1110: 5'- CTCTCCTTGTCGCTCTCCCC  
SEQ ID No. 1111: 5'- GCGGGCTCCTCTCTCAGCGA  
SEQ ID No. 1112: 5'- GGCTCCATCATGGTTACCTC  
SEQ ID No. 1116: 5'- CTTCTCCGGCTTGCGCCGG  
SEQ ID No. 1117: 5'- CGCTCTTCCCGA(G/T)TGACTGA  
SEQ ID No. 1118: 5'- CCTCGGGCTCCTCCATC(A/T)GC

2. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Zygosaccharomyces bailii* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 1 bis SEQ ID No. 17, nachgewiesen wird.

3. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Zygosaccharomyces mellis* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 18 bis SEQ ID No. 68, nachgewiesen wird.

4. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Zygosaccharomyces rouxii* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 69 bis SEQ ID No. 119, nachgewiesen wird.

5. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Zygosaccharomyces bisporus* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 120 bis SEQ ID No. 134, nachgewiesen wird.

6. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Hanseniaspora uvarum* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 135 und SEQ ID No. 136, nachgewiesen wird.

7. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Candida intermedia* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 137 nachgewiesen wird.

8. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Saccharomyces exiguus* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 138 nachgewiesen wird.

9. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Saccharomyces ludwigii* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 139 und SEQ ID No. 140, nachgewiesen wird.

10. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Mucor racemosus* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 141 nachgewiesen wird.

11. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Byssoschlamys nivea* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 142 nachgewiesen wird.

12. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Neosartorya fischeri* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 143 nachgewiesen wird.

13. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen *Aspergillus fumigatus* und *A. fischeri* gleichzeitig mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 144 nachgewiesen werden.

14. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Talaromyces flavus* mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 145 nachgewiesen wird.

15. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen *Talaromyces bacillisporus* und *T. flavus* gleichzeitig mittels der Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 146 nachgewiesen werden.

16. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Lactobacillus collinoides* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 147 bis SEQ ID No. 247, nachgewiesen wird.

17. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen *Leuconostoc mesenteroides* und *L. pseudomesenteroides* gleichzeitig mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 248 bis SEQ ID No. 277, nachgewiesen werden.

18. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Leuconostoc pseudomesenteroides* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 278 bis SEQ ID No. 317, nachgewiesen wird.

19. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Oenococcus oenos* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 318 bis SEQ ID No. 418, nachgewiesen wird.

20. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattung *Weissella* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 419 bis SEQ ID No. 469, nachgewiesen werden.

21. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattung *Lactococcus* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 470 bis SEQ ID No. 520, nachgewiesen werden.

22. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattungen *Acetobacter* und *Gluconobacter* gleichzeitig mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 521 bis SEQ ID No. 582, nachgewiesen werden.

23. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattungen *Acetobacter*, *Gluconobacter* und *Gluconoacetobacter* gleichzeitig mittels

mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 583 bis SEQ ID No. 816, nachgewiesen werden.

24. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Bacillus coagulans* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 817 bis SEQ ID No. 906, nachgewiesen wird.

25. Verfahren nach Anspruch 1, wobei getränkeschädliche Mikroorganismen der Gattung *Alicyclobacillus* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 907 bis SEQ ID No. 1007, nachgewiesen werden.

26. Verfahren nach Anspruch 1, wobei der getränkeschädliche Mikroorganismus *Alicyclobacillus acidoterrestris* mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 1011 bis SEQ ID No. 1112, nachgewiesen wird.

27. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die getränkeschädlichen Mikroorganismen *Alicyclobacillus cycloheptanicus* und *A. herbarius* gleichzeitig mittels mindestens einer Oligonukleotidsonde, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 1116 bis SEQ ID No. 1118, nachgewiesen werden.

28. Verfahren nach Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine Oligonukleotidsonde zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden verwendet wird.

29. Verfahren nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 907 zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 1008 bis SEQ ID No. 1010, verwendet wird.



30. Verfahren nach Anspruch 26, dadurch gekennzeichnet, dass die mindestens eine Oligonukleotidsonde zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden verwendet wird.

31. Verfahren nach Anspruch 30, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 1018 zusammen mit der Kompetitorsonde SEQ ID No. 1113 verwendet wird.

32. Verfahren nach Anspruch 30, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotidsonde SEQ ID No. 1031 zusammen mit einer oder mehreren Kompetitorsonden, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID No. 1114 und SEQ ID No. 1115, verwendet wird.

33. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 32, dadurch gekennzeichnet, dass es die folgenden Schritte umfasst:

- a) Kultivieren der in der Probe enthaltenen getränkeschädlichen Mikroorganismen,
- b) Fixieren der in der Probe enthaltenen getränkeschädlichen Mikroorganismen,
- c) Inkubieren der fixierten Mikroorganismen mit mindestens einer Oligonukleotidsonde, ggf. zusammen mit einer Kompetitorsonde,
- d) Entfernen nicht hybridisierter Oligonukleotidsonden,
- e) Detektieren und Visualisieren sowie ggf. Quantifizieren der getränkeschädlichen Mikroorganismen mit den hybridisierten Oligonukleotidsonden.

34. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 33, dadurch gekennzeichnet, dass es sich bei der Probe um eine Probe aus alkoholfreien Getränken handelt.

35. Kit zur Durchführung eines Verfahrens nach einem der Ansprüche 1 bis 34, enthaltend mindestens ein Oligonukleotid nach Anspruch 1.

## **ZUSAMMENFASSUNG**

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum spezifischen Schnelldachweis getränkcschädlicher Mikroorganismen durch in situ-Hybridisierung. Weiter betrifft die Erfindung spezifische Oligonukleotidsonden, die im Rahmen des Nachweisverfahrens eingesetzt werden sowie Kits, die diese Oligonukleotidsonden enthalten.

# Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/EP04/010695

International filing date: 23 September 2004 (23.09.2004)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: DE  
Number: 103 44 057.7  
Filing date: 23 September 2003 (23.09.2003)

Date of receipt at the International Bureau: 04 February 2005 (04.02.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland  
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse